## PCT

#### WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM Internationales Büro

#### INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6:

C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:

WO 99/46375

(43) Internationales

Veröffentlichungsdatum:

16. September 1999 (16.09.99)

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/DE99/00722

(22) Internationales Anmeldedatum:

9. März 1999 (09.03.99)

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

(30) Prioritätsdaten:

198 11 194.0

10. März 1998 (10.03.98)

Veröffentlicht DE Ohne

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE];
Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN,
Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE).
SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II,
D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE];
Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE).
DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6,
D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE];
Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATAGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – of normal prostate tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäurequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

# LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

			•				•
AL.	Albanien	ES .	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GB	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	·MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IT	Italien ·	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL ·	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	· KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neuseeland	zw	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumanien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

WO 99/46375 PCT/DE99/00722

## Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatagewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos, da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und Metastasen bildet.

15

20

25

30

35

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die verglichen mit dem Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenanten ESTs besteht.

ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist ( > 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -prolifertion wichtig sind (s. Fig. 1).

Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehenst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 - 2b4 dargestellt.

2

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 gefunden werden, die als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.

- Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,
    - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Seguenzen
- 30 oder

15.

25

40

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.
  - Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, die im normalen Prostatagewebe erhöht exprimiert sind
- Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 hybridisieren.

WO 99/46375 PCT/DE99/00722

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp, insbesondere eine Länge von 400 bis 1900 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

10

20

25

30

40

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, \$\phi X174\$, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacl, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

5

10

15

20

35

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Proteine, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der
Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 9093, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 zur Expression von Polypeptiden, die als
Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

5

10

20

25

30

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

# Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vollegenden Erfindung zu

verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und

genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren,

die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig= Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer

Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden

können (Consensus).

Singleton= Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

Modul = Domane eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine

strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen

vorkommt

N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

## Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

## Erklärung der Abbildungen

10

15

20

30

35

45

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq

Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

40 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in

verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über

elektronischen Northern.

7 WO 99/46375 PCT/DE99/00722

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

WO 99/46375 8 PCT/DE99/00722

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

## Beispiel 1

20

25

35

40

45

## Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensusse-quenzen errechnet (s. Fig. 2a und 2 b1-2b4).

Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der normal Prostata-Gewebe ESTs.

Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen.

Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northem (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in

WO 99/46375 PCT/DE99/00722

mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## Beispiel 2

5

15

20

-25

# Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homolgiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

T/N undef 0.5450 0.8557 0.0000 0.0000 5.1673 0.0000 undef undef 0.0000 undef 0.4746 undef 0.0000 2.3033 0.0000 0.0000 0.2235 4.3088

## 2.1.1

5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 10 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes MVF-1.

## Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 10

	9.11.2.0	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnis
		ufigkeit	%Haeufigkeit	N/ I
15	Blase	0.0000	0.0026	0.0000
		0.0040	0.0022	1.8347
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686
	Endokrines Gewebe	0.0055	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef
20	Gehirn		0.0088	0.1935
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef ·
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	, undef
25	Hoden	0.0000	0.0000	undef
		0.0050	0.0024	2.1069
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef
20		0.0030	0.0068	0.4342
30	Pankreas		0.0000	undef
			0.0000	undef
	Prostata		0.0021	4.4745
	Uterus		0.0071	0.2321
35	Brust-Hyperplasie			
٠ دد	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
•	Sinnesorgane		•	
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
,40		FORMUC		
		FOETUS %Haeufigkeit		
	• "	*maeurigkeit		
	Entwicklung	0.0000	•	
45	Gastrointenstinal		•	
	Gehirn			
•	Haematopoetisch		*.	
٠.	Herz-Blutgefaesse			
	-	0.0111	•	
50		0.0124		*
	Prostata	0.0000		•
	Sinnesorgane	0.0000	,	•
			•	
55			BTRAHIERTE BII	BLIOTHEKEN
33		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000	,	*
	Endokrines_Gewebe			
60	Foetal	0.0082		
00	Gastrointestinal	0.0244		
•	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel			
•		0.0000		
65	_	0.0000	•	
95	Nerven			•
	Prostata	0.0128	*	

Sinnesorgane 0.0000

# 2.1.2

 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 18 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt: Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAI		TUMOR	Ver	haeltniss
10	%Haeuf	Eigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0279	0.0026	10.9109	0.0917
		0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
	Eierstock		0.0026	0.0000	undef
15	Endokrines Gewebe		0.0000	undef	0.0000
••	Gastrointestinal		0.0000	undef	0.0000
		0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch		0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0000	undef	undef
20	Hepatisch		0.0065	0.0000	undef
	-	0.0021	0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0000	undef	undef
		0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
25	Muskel-Skelett		0.0000	undef	0.0000
		0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas		0.0055	0.3428	2.9168
		0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0021	5.5932	0.1788
30		0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie				
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			•
	Samenblase	0.0000	•		
- 35	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	•	FOETUS			
40		%Haeufigkeit	*		-
••		undealigheit			
	Entwicklung	0.0000		_	
	Gastrointenstinal				•
	Gehirn				
45	Haematopoetisch		•		
	Herz-Blutgefaesse	•			
		0.0000			
		0.0124	•		
	Prostata		;	•	
50	Sinnesorgane		•		
		•			
•		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BIE	LIOTHEKEN	
	•	%Haeufigkeit			
55	,				i
•		0.0272			•
	Eierstock-Uterus				
	Endokrines_Gewebe				•
<b>60</b>	Foetal			•	
60	Gastrointestinal				
	Haematopoetisch				
	Haut-Muskel		•		
		0.0000			
45	Lunge	0.0082	•		

Nerven 0.0020 Prostata 0.0192 Sinnesorgane 0.0000

#### 2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 24 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifftt das Gegenstück eines unbekannten Gens Hefe Chromosom XVI.

Das Ergebnis ist wie folgt:

```
Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 24
10
                                  NORMAL
                                               TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit
                                                             N/T
                           Blase 0.0000
                                               0.0153
                                                             0.0000
                                                                           undef
15
                           Brust 0.0120
                                               0.0131
                                                             0.9174
                                                                           1.0901
                       Eierstock 0.0091
                                               0.0208
                                                             0.4382
                                                                           2.2819
               Endokrines_Gewebe 0.0146
                                               0.0191
                                                             0.7655
                                                                           1.3064
               Gastrointestinal 0.0233
                                               0.0143
                                                             1.6285
                                                                           0.6141
                          Gehirn 0.0034
                                               0.0077
                                                             0.4423
                                                                           2.2607
20
                Haematopoetisch 0.0056
                                               0.0000
                                                             undef
                                                                           0.0000
                            Haut 0.0149
                                               0.0847
                                                             0.1762
                                                                           5.6754
                       Hepatisch 0.0000
                                                             0.0000
                                               0.0518
                                                                           undef
                            Herz 0.0095
                                               0.0275
                                                             0.3468
                                                                           2.8832
                           Hoden 0.0061
                                               0.0234
                                                             0.2612.
                                                                           3.8288
25
                           Lunge 0.0100
                                               0.0165
                                                             0.6020
                                                                           1.6612
             Magen-Speiseroehre 0.0097
                                               0.0153
                                                             0.6300
                                                                           1.5874
                 Muskel-Skelett 0.0051
                                               0.0180
                                                             0.2855
                                                                          3.5025
                           Niere 0.0059
                                               0.0000
                                                             undef
                                                                           0.0000
                        Pankreas 0.0038
                                               0.0221
                                                             0.1714
                                                                           5.8337
30
                           Penis 0.0000
                                                             0.0000
                                               0.0267
                                                                          undef
                        Prostata 0.0214
                                               0.0043
                                                             5.0338
                                                                          0.1987
                          Uterus 0.0116
                                               0.0142
                                                             0.8123
                                                                          1.2311
              Brust-Hyperplasie 0.0182
                       Duenndarm 0.0093
35
           Prostata-Hyperplasie 0.0178
                     Samenblase 0.0089
                    Sinnesorgane 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0061
40
                                 FOETUS
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0307
45
              Gastrointenstinal 0.0123
                         Gehirn 0.0125
                Haematopoetisch 0.0118
              Herz-Blutgefaesse 0.0082
                          Lunge 0.0000
50
                          Niere 0.0062
                       Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0140
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
55
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0136
               Eierstock-Uterus 0.0068
              Endokrines_Gewebe 0.0245
60
                         Foetal 0.0041
               Gastrointestinal 0.0122
                Haematopoetisch 0.0057
```

Haut-Muskel 0.0032 Hoden 0.0000

Lunge 0.0000 Nerven 0.0010 Prostata 0.0000

65

T/N undef 0.5450 0:1711 undef 0.0000 1.7224 0.0000 undef undef undef undef 0.9493 undef 0.0000 undef undef undef 0.2235 0.0000

## 2.1.4

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifftt das Gegenstück eines Gens von thaliana von Caenorhabdites elegans.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 30

10	Elektionischer Wolthein-B	TOU THE SEQ. I	rn'	
. *		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T
		0.0000	0.0051	0.0000
15			0.0022	1.8347
	Eierstock		0.0026	5.8431
	Endokrines_Gewebe		0.0054	0.0000
	Gastrointestinal		0.0000	undef
20		0.0025	0.0044	0.5806
20	Haematopoetisch		0.0000	undef
	Haut Hepatisch	0.0000	0.0000	undef
		0.0000	0.0000	undef
		0.0000	0.0000	undef .
25		0.0025	0.0000 0.0024	undef
	Magen-Speiseroehre		0.0024	1.0534 undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef
		0.0000	0.0000	undef
	Pankreas		0.0000	undef
30		0.0000	0.0000	undef
	Prostata		0.0021	4.4745
		0.0017	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0031		
35	Prostata-Hyperplasie	0.0030	•	*.
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
•	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
40		FOETUS		,
	٠	%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000	•	
	Gastrointenstinal	0.0092	,	•
45	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
		0.0000		*
		0.0000	,	
50	Prostata		•	
	Sinnesorgane	0.0000		
		•		
55			TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN
	•	%Haeufigkeit		
	Brust	0.0068		
	Eierstock-Uterus	0.0000	X-100	
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
60	Foetal	0.0006		•
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel		•	
		0.0000		
65	_	0.0000		
	Nerven			•
	· Prostata	0.0192	.*	

Sinnesorgane 0.0000

## 2.1.5

5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 43 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

				**	
10		NORMAL	TUMOR	Verhaeltn	isse
	%Haeuf	igkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
		0.0000	0.0000	undef	undef
		0.0120	0.0044	2.7521	0.3634
15 ·	Eierstock		0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe		0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	undef	undef
20		0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
25	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Prostata	0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145		*	
	Duenndarm		•		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000	•		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0035			
					•
	•				
40		FOETUS			
		%Haeufi	gkeit		٠.,
	•				•
	Entwicklung	0.0000		•	
	Gastrointenstinal	0.0031			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0037		•	
	Niere	0.0062		•	
50	Prostata	0.0000		.*	• .
	Sinnesorgane	0.0000	,		
			•		•
	•				
			RTE/SUBTRAHIERTE	BIBLIOTHEKEN	
55		%Haeufi	igkeit	•	
		0.0000		•	
	Eierstock-Uterus				
	Endokrines_Gewebe				
60		0.0035			
	Gastrointestinal		•		
	Haematopoetisch				
	Haut-Muskel			-	
		0.0078			
65		0.0000			
		0.0050			
	Prostata				
	Sinnesorgane	0.0000		. را این بست	4 1 PM 1

# 2.1.5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 59 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

•					
10	· ·	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltniss N/T	e T/N
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·				
		0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
1.5		0.0067	0.0022	3.0579	0.3270
15	Eierstock		0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe		0.0027	3.3489	0.2986
	Gastrointestinal	•	0.0000	undef	0.0000
		0.0068	0.0088	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch		0.0000	undef	0,0000
20	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0117	1.5671	0.6381
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
25	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8565	1.1675
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0166	0.3428	2.9168
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Prostata	0.0333	0.0064	5.2203	0.1916
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie				•
35	Samenblase				
	Sinnesorgane		•		
	Weisse Blutkoerperchen			•	
					•
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			•
		undcullgheit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal				
45	. Gehirn			•	
7.7					
	Haematopoetisch				
	Herz-Blutgefaesse				
	Lunge		•		
50		0.0062	,		
30	Prostata		•		·
	Sinnesorgane	0.0000			
				,	
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BIE	LIOTHEKEN	•
55	•	%Haeufigkeit	•		
		•			
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
60	Foetal	0.0082			
			•	* *	
	Gastrointestinal	0.0244		•	
	Haematopoetisch		•		
	Haut-Muskel				
65		0.0000			
		0.0000			•
	•	0.0010			
	Prostata				_
	Sinnesorgane				
	Simesorgane	0.0000			

# In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden: Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
•	Blase	0.0418	0.0383	1.0911 0.9165
	Brust	0.0267	0.0218	1.2232 0.8176
	Eierstock	0.0122		2.3372 0.4279
	Endokrines Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023 1.9907
10 -	Gastrointestinal		0.0048	2.8499 0.3509
	Gehirn	0.0093	0.0142	0.6550 1.5267
	Haematopoetisch	0.0224	0.0000	undef 0.0000
		0.0099	0.0847	0.1175 8.5131
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
15	Herz	0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612 3.8288
	Lunge	0.0137	0.0071	1.9313 0.5178
	Magen-Speiseroehre		0.0230	0.8399 1.1905
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130 0.5838
20	Niere	0.0089	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0076	0.0110	0.6857 1.4584
	Penis	0.0269	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0143	0.0021	6.7118 0.1490
		0.0463	0.0356	1.2997 0.7694
25	Brust-Hyperplasie	0.0109		
	Duenndarm			•
	Prostata-Hyperplasie	0.0238		
	Samenblase	0.0267		•
	Sinnesorgane	0.0353		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0174		•
	<del>-</del>		•	
			•	•
		FOETUS		•
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch		-	
40	Herz-Blutgefaesse		4	
40		0.0370		
·		0.0124	•	
	Prostata			
:	Sinnesorgane	0.0000		
45	·			4
٠, د	•	MODMIEDTE / SITE	TRAHIERTE BIE	T-TOPUEVEN
	•	%Haeufigkeit	DIMMITENIE DIE	DIOINEREN
	Bruet	0.1156		•
	Eierstock-Uterus		N	
50	Endokrines Gewebe		*	
	Foetal			•
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
55		0.0000		:
J-		0.0082	•	
	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane		•	•
	Dimesorgane			

	•			
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
•		0.0093	0.0022	4.2811 0.2336
	Eierstock		0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe		0.0027	4.0187 0.2488
• •	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
10		0.0068	0.0077	0.8847 1.1303
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
•		0.0050	0.0000	undef 0.0000
•	Hepatisch		0.0065	1.5303 0.6535
16		0.0064	0.0000	undef 0.0000
15		0.0061	0.0000	undef 0.0000
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0030	0.0137	0.2171 4.6066
20	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0043	2.2373 0.4470
•	Uterus Prist - Uimarniania		0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie Duenndarm			
23	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
30.	"arobo_bracheree.	0.001.		
		•		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit	•	
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40	_	0.0000		
40		0.0062		•
	Prostata	and the second s		
	Sinnesorgane	0.0000		
				7
45		NODMIEDZE / CIE	TRAHIERTE BIB	T TOTUEVEN
. 43		%Haeufigkeit	SIKANIEKIE DID	LIOIREKEN
`	Bruct	0.0136		•
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines Gewebe			
<sup>′</sup> 50	Foetal			
	Gastrointestinal		• •	•
•	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel		4	
	·	0.0156		
·55	•	0.0000		
÷-	Nerven			
,	Prostata			•
	Sinnesorgane			
	Dimesoryane			•

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463 0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines Gewebe	0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn	0.0008	0.0055	0.1548 6.4591
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	0.0000 undef
	•	0.0053	0.0000	undef 0.0000
15		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
		0.0089	0.0000	undef 0.0000
20				
20	Pankreas		0.0055	0.6857 1.4584
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0021	2,2373 0.4470
		0.0116	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		· *
30				
				•
	•	FOETUS		
	•	%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		•
	Haematopoetisch	0.0000	•	•
	Herz-Blutgefaesse		i	
• •		0.0000		_
40		0.0062		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
	, , , , , , , , , , , , , , , , , , ,			
		•		
45	•	NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit	7	
	Rrust	0.0000		
	Eierstock-Uterus		1	
	Endokrines Gewebe			•
- 50	Foetal			
50	Gastrointestinal			
	and the second s			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
55		0.0000		
		0.0060	* •	
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
		•		•

	•			
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185 0.5499
	Brust	0.0053	0.0022	2.4463 0.4088
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023 1.9907
	Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499 0.3509
10	Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321 0.9689
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000
	· Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826 2.6139
	Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000
1.5	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge	0.0100	0.0024	4.2137 0.2373
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
20	Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855 0.3241
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745 0.2235
	Uterus		0.0142	0.1160 8.6176
	Brust-Hyperplasie			••
25	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie		,	
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
30			,	
		,		
	<b>.</b>	FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0125		
•	Haematopoetisch	0.0079		•
	Herz-Blutgefaesse	0.0123		
	Lunge	0.0037	•	
40	Niere	.0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		•
			•	
45	•	NORMIERTE/SUE	STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0204		•
	Eierstock-Uterus	0.0205		
	Endokrines Gewebe	0.0000		
50	Foetal	0.0052	_	•
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel			
		0.0234	•	
55		0.0000		-
_	Nerven			
	Prostata			
	Sinnesorgane		•	

	•	NORMAL	TUMOR	Verhäeltnisse
5		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
•		0.0107	0.0131	0.8154 1.2263
	Eierstock		0.0078	0.3895 2.5671
	Endokrines Gewebe		0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal		0.0143	0.6786 1.4737
••		0.0170	0.0088	1.9353 0.5167
	Haematopoetisch	•	0.0378	0.2587 3.8650
	-	0.0298	0.0000	undef 0.0000
- 15	Hepatisch		0.0194	0.0000 undef
13		0.0159	0.0137	1.1561 0.8650
		0.0061	0.0000	undef 0.0000
		0.0112	0.0142	0.7901 1.2657
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett		0.0060	0.8565 1.1675
20		0.0178	0.0068	2.6050 0.3839
	Pankreas		0.0387	0.0980 10.2089
	Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745 0.2235
	Uterus	0.0099	0.0000	undef 0.0000
<b>25</b> .	Brust-Hyperplasie	0.0109		
	Duenndarm	0.0125		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0356		
	Sinnesorgane	0.0000		•
30	Weisse Blutkoerperchen	0.0096	·	*
	<del>-</del> - ,			*
		FOETUS		•
		%Haeufigkeit		•
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0031		
	` Gehirn	0.0188	•	
	Haematopoetisch	0.0039		•
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0148	•	
		0.0185		
	Prostata			•
	Sinnesorgane			**
				ř
45	•			
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIE	LIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0068		•
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines Gewebe			
,	Foetal			
	Gástrointestinal			
•	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			•
55	Hoden			
	Lunge		•	
	Nerven			•
	Prostata		•	
	Sinnesorgane	and the second s		
60				
			•	•

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 8

```
Verhaeltnisse
                                    NORMAL
                                                   TUMOR
                                                                 N/T T/N undef undef
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                   0.0000
 5
                             Blase 0.0000
                             Brust 0.0120
                                                   0.0109
                                                                 1.1008 0.9084
                        Eierstock 0.0061
                                                   0.0052
                                                                 1.1686 0.8557
               Endokrines_Gewebe .0.0146
                                                                 1.0716 0.9331
                                                   0.0136
                Gastrointestinal 0.0155
                                                                 1.0857 0.9211
                                                   0.0143
10
                           Gehirn 0.0136
                                                   0.0142
                                                                 0.9527 1.0496
                 Haematopoetisch 0.0042
Haut 0.0149
                                                                 undef 0.0000
undef 0.0000
                                                   0.0000
                                                   0.0000
                                                                 0.7651 1.3069
                        Hepatisch 0.0050
                                                   0.0065
                             Herz 0.0170
                                                   0.0000
                                                                 undef 0.0000
15
                             Hoden 0.0000
                                                                 0.0000 undef
                                                   0.0117
              Lunge 0.0112
Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                                 1.1851 0.8438
                                                   0.0095
                                                   0.0000
                                                                 undef undef
                  Muskel-Skelett 0.0051
                                                   0.0060
                                                                 0.8565 1.1675
                         Niere 0.0119
Pankreas 0.0038
                                                   0.0068
                                                                 1.7366 0.5758
20
                                                  0.0000
                                                                 undef 0.0000
                                                                 undef 0.0000
                            Penis 0.0120
                                                   0.0000
                         Prostata 0.0143
                                                                 2.2373 0.4470
                                                   0.0064
                          Uterus 0.0033
                                                                 undef 0.0000
                                                   0.0000
               Brust-Hyperplasie 0.0036
25
                        Duenndarm 0.0000
            Prostata-Hyperplasie 0.0030
                    Samenblase 0.0089
Sinnesorgane 0.0000
          Weisse Blutkoerperchen 0.0113
30
                                    FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0123
35
                           Gehirn 0.0063
                 Haematopoetisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0164
Lunge 0.0037
40
                            Niere 0.0185
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
45
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0068
                Eierstock-Uterus 0.0046
               Endokrines_Gewebe 0.0000
Foetal 0.0070
50
                Gastrointestinal 0.0122
                 Haematopoetisch 0.0114
Haut-Muskel 0.0291
                            Hoden 0.0156
55
                            Lunge 0.0082
                           Nerven 0.0191
                         Prostata 0.0064
                     Sinnesorgane 0.0155
60
```

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                               Verhaeltnisse
                                  % Haeufigkeit % Haeufigkeit N/T T/N
                                                               9.0924 0.1100
 5
                            Blase 0.0232
                                                 0.0026
                           Brust 0.0187
                                                 0.0087
                                                               2.1405 0.4672
              Eierstock 0.0122
Endokrines_Gewebe 0.0219
                                                 0.0156
                                                               0.7791 1.2836
                                                               1.6075 0.6221
                                                 0.0136
                                                               0.6107 1.6375
                Gastrointestinal 0.0116
                                                 0.0190
10
                          Gehirn 0.0119
                                                 0.0142
                                                               0.8337 1.1995
                 Haematopoetisch 0.0126
                                                               undef 0.0000
                                                 0.0000
                                                              undef 0.0000
undef 0.0000
                                                 0.0000
                            Haut 0.0199
                       Hepatisch 0.0099
                                                 0.0000
                            Herz 0.0159
                                                               1.1561 0.8650
                                                 0.0137
15
                           Hoden 0.0122
                                                               0.3482 2.8716
                                                 0.0351
                           Lunge 0.0187
                                                 0.0378
                                                               0.4938 2.0251
             Magen-Speiseroehre 0.0097
                                                 0.0307
                                                               0.3150 3.1748
                 Muskel-Skelett 0.0103
                                                               0.8565 1.1675
                                                 0.0120
                           Niere 0.0238
                                                              undef 0.0000
                                                 0.0000
20
                                                               1.3713 0.7292
                        Pankreas 0.0076
                                                 0.0055
                           Penis 0.0180
                                                 0.0267
                                                               0.6739 1.4840
                                                               2.5169 0.3973
                        Prostata 0.0214
                                                 0.0085
                          Uterus 0.0132
                                                 0.0285
                                                               0.4642 2.1544
              Brust-Hyperplasie 0.0291
25
                       Duenndarm 0.0156
            Prostata-Hyperplasie 0.0268
                      Samenblase 0.0356
                    Sinnesorgane 0.0235
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0131
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
              Entwicklung 0.0307
Gastrointenstinal 0.0247
35
                       Gehirn 0.0063
              Haematopoetisch 0.0236
Herz-Blutgefaesse 0.0286
                           Lunge 0.0111
40
                           Niere 0.0371
                        Prostata 0.0997
                    Sinnesorgane 0.0279
45
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                  %Haeufigkeit
                          Brust 0.0068
               Eierstock-Uterus 0.0023
              Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                          Foetal 0.0064
                Gastrointestinal 0.0122
                 Haematopoetisch 0.0057
                     Haut-Muskel 0.0065
                           Hoden 0.0312
55
                           Lunge 0.0082
                          Nerven 0.0050
                        Prostata 0.0064
                    Sinnesorgane 0.0000
60
```

TUMOR

```
Verhaeltnisse
                                   NORMAL
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                                undef undef
                            Blase 0.0000
                                                  0.0000
                            Brust 0.0027
                                                                0.61161.6351
                                                  0.0044
                        Eierstock 0.0000
                                                  0.0156
                                                                0.0000 undef
               Endokrines_Gewebe 0.0018
                                                  0.0027
                                                                0.6698 1.4930
                Gastrointestinal 0.0078
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
10
                          Gehirn 0.0034
                                                  0.0011
                                                                3.0964 0.3230
                                                                undef undef
                 Haematopoetisch 0.0000
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
                            Haut 0.0050
                                                  0.0000
                        Hepatisch 0.0050
Herz 0.0053
                                                                undef 0.0000
undef 0.0000
                                                  0.0000
                                                  0.0000
                                                                undef undef
undef 0.0000
undef undef
15
                            Hoden 0.0000
                                                  0.0000
                            Lunge 0.0112
                                                  0.0000
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                  0.0000
                                                                0.5710 1.7513
                                                  0.0060
                  Muskel-Skelett 0.0034
                            Niere 0.0089
                                                  0.0068
                                                                1.3025 0.7678
                         Pankreas 0.0076
20
                                                                undef 0.0000
                                                  0.0000
                         Penis 0.0000
Prostata 0.0048
                                                                undef undef
2.2373 0.4470
                                                  0.0000
                                                  0.0021
                          Uterus 0.0017
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
               Brust-Hyperplasie 0.0036
Duenndarm 0.0156
25
            Prostata-Hyperplasie 0.0089
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
          Weisse Blutkoerperchen 0.0052
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0031
35
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                           Lunge 0.0074
Niere 0.0000
                         Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0140
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                Eierstock-Uterus 0.0046
               Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                          Foetal 0.0047
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0057
                      Haut-Muskel 0.0130
                            Hoden 0.0156
55
                            Lunge 0.0000
                          Nerven 0.0030
                         Prostata 0.0064
                     Sinnesorgane 0.0000
```

```
TUMOR
                                   NORMAL
                                                                Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                      T/N
                                                                0.0000 undef
 5
                            Blase 0.0000
                                                  0.0128
                                                                undef 0.0000
undef undef
                        Brust 0.0120
Eierstock 0.0000
                                                  0.0000
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
undef 0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0036
                                                  0.0000
                Gastrointestinal 0.0039
                                                  0.0000
10
                           Gehirn 0.0017
                                                  0.0066
                                                                0.2580 3.8754
                                                                undef undef
undef 0.0000
                                                  0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                             Haut 0.0050
                                                  0.0000
                        Hepatisch 0.0000
                                                  0.0129
                                                                0.0000 undef
                                                                undef 0.0000
0.0000 undef
                             Herz 0.0074
                                                  0.0000
15
                            Hoden 0.0000
                                                  0.0117
                            Lunge 0.0087
                                                  0.0071
                                                                1.2290 0.8137
              Magen-Speiseroehre 0.0000
Muskel-Skelett 0.0086
                                                                undef undef
1.4275 0.7005
                                                  0.0000
                                                  0.0060
                                                                0.0000 undef
                            Niere 0.0000
                                                  0.0137
                                                                undef 0.0000
undef 0.0000
20
                         Pankreas 0.0038
                                                  0.0000
                            Penis 0.0150
                                                  0.0000
                         Prostata 0.0048
                                                  0.0021
                                                                2.2373 0.4470
                           Uterus 0.0066
                                                  0..0071
                                                                0.9283 1.0772
               Brust-Hyperplasie 0.0218
                        Duenndarm 0.0062
25
            Prostata-Hyperplasie 0.0030
                       Samenblase 0.0089
                     Sinnesorgane 0.0353
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0000
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0041
                            Lunge 0.0000
40
                            Niere 0.0000
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
45
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                Eierstock-Uterus 0.0023
               Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                           Foetal 0.0017
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0000
                            Hoden 0.0000
55
                            Lunge 0.0000
                           Nerven 0.0060
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
60
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	
5		*Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
3	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
		0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
•	Gehirn		0.0022	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch		0.0000	undef	0.0000
		0.0050	0.0000	undef	0.0000
116	Hepatisch		0.0000	undef	undef
15		0.0021	0.0137	0.1541	6.4872
•		0.0000	0.0117	0.0000	undef
	_	0.0012	0.0024	0.5267 undef	1.8986
	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett		0.0000	undef	undef 0.0000
20		0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas		0.0000	undef	undef
		0.0000	0.0000	undef	undef
•	Prostata		0.0000	undef	0.0000
-	Uterus		0.0071	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie				
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
•	Samenblase				
••	Sinnesorgane				
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
		FOETUS		-	•
	•	%Haeufigkeit		•	
35		*Haculighert			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal			•	
	Gehirn				
	Haematopoetisch	0.0000	•		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000	•		
	Lunge	0.0000			
		0.0000	•		
	Prostata			•	• .
45	Sinnesorgane	0.0000	•		
45	•				
		NODMIEDTE / CITE	TRAHIERTE BIE	TTOPPEKEN	
		%Haeufigkeit	JIMMIEKIE DIE	HIOIIBIAN	
50 -	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe			•	
	Foetal				
	Gastrointestinal			•	•
55	Haematopoetisch		-		
	Haut-Muskel				
		0.0078		•	
	-	0.0000			
۷۸	Nerven				
60	Prostata				-
	Sinnesorgane	0.0000			
		· ·			

T/N

0.0000 0.1817 undef undef 2.4562 2.5836 0.0000 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef

undef 0.0000 undef

undef 0.0000 0.0000 0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 16

	NORMAL	,	TUMOR	Verhaeltnis
	%Haeuf	igkeit	%Haeufigkeit	N/T
5			0.0000	
		0.0046	0.0000	undef
		0.0120	0.0022	5.5042
	Eierstock		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef
10	Gastrointestinal		0.0048	0.4071
	Gehirn		0.0219	0.3871
	Haematopoetisch		0.0000	undef
		0.0050	0.0000	undef
	Hepatisch		0.0259	0.0000
15		0.0032	0.0000	undef
•		0.0122	0.0000	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef
• .		0.0150	0.0000	undef
	Prostata		0.0000	undef
	Uterus		0.0000	undef
25	Brust-Hyperplasie		******	
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			•
	Sinnesorgane			
30	Weisse Blutkoerperchen		•	
30	wersse_bruckoerperchen	0.0000		
	•	FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35		anaeurigkeit		
	Entwicklung	0.0000		,
•	Gastrointenstinal			
	Gastronicenstinal		•	
	1			•
40	Haematopoetisch			
40	Herz-Blutgefaesse			*
		0.0037		
		0.0124	-	
	Prostata		•	
4.5	Sinnesorgane	0.0000		
45		•		• • •
	•			* * OFFICE !
			BTRAHIERTE BI	PLIOTHEVEN
		%Haeufigkeit		
50			•	
50		0.0272	•	
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe			
	Foetal	0.0047		
	Gastrointestinal			•
55	Haematopoetisch	0.0000		
٠.	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0050	•	
60	Prostata			
	Sinnesorgane			
•				
				•

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 17

	•				
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	e
	%Haeuf	igkeit	%Haeufigkei	N/T	T/N
5	•		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		
	Blase	0.0093	0.0026	3,6370	0.2750
			0.0065	0.8154	1.2263
	Eierstock		0.0104	0.0000	undef
10.	Endokrines_Gewebe	•	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal		0.0048	0.4071	2.4562
		0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch		0.0378	0.1109	9.0183
٠.	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0071	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett		0.0060	1.4275	0.7005
20		0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
20					
	Pankreas		0.0000	undef	0.0000
	•	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	-	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus		0.0071	0.6963	1.4363
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse Blutkoerperchen		. •		
••	"GIBBG_BIGEROUSPOIONEN	0.00.1			
			•		
		FOETUS		•	
				•	
35	•	%Haeufigkeit		•	
33					
	Entwicklung	0.0000			
•	Gastrointenstinal				•
	Gehirn				
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			•
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane				
45					•
			• .		
		NODMIEDRE /CIT	STRAHIERTE BIE	OT TOTUEVEN	•
	•		SIKANIEKIE BII	PTOTUEVEN	
		%Haeufigkeit	•		
rΛ ·			•		
50		0.0000		•	
	Eierstock-Uterus		•		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		•	
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			٠.,
55	Haematopoetisch				
	Haut-Muskel		•		
		0.0000	•		
		0.0164		•	
	Nerven				-
60					
OU	Prostata			• •	
	Sinnesorgane	U.0387			
	• *	•			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 19

•	NORMAL	1	TUMOR	Verhaeltniss	е
	%Haeuf	igkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		-	_		
	Blase	0.0093	0.0128	0.7274	1.3748
	Brust	0.0080	0.0065	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0044	0.9676	1.0335
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15		0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
		0.0000	0.0000	undef	undef
•		0.0037	0.0118	0.3160	3.1643
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef	0.0000
20		0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas		0.0055	0.3428	2.9168
		0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0064	1.8644	0.5364
	Uterus		0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie				
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie				
*	Samenblase		,		
	Sinnesorgane				
30	Weisse Blutkoerperchen				
		0,00,00,0			
	•	*			
		FOETUS			•
		%Haeufigkeit			
35				·	
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157	٠.		
40	Herz-Blutgefaesse				
		0.0037			
		0.0000		*	
	Prostata	0.0000	•		
	Sinnesorgane	0.0000			
45	•				
			•		
		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIB	LIOTHEKEN	
ŕ		%Haeufigkeit	•	• •	•
	•				
50	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0000			-
	Haut-Muskel			-	
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000	<i>.</i>		
60	Prostata	0.0192	, ,		
,	Sinnesorgane	0.0155			

T/N

2.7495 6.5404 1.7114

1.0664 1.8422 1.2918

0.0000 undef undef 0.0000 undef 6.6450 undef 1.0007

1.0007 0.3839 1.4584 2.9680 0.3831 3.2316

5		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltniss N/T
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637
		0.0013	0.0087	0.1529
	Eierstock	0.0061	0.0104	0.5843
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0136	0.9377
	Gastrointestinal	0.0078	0.0143	0.5428
		0.0102	0.0131	0.7741
,	Haematopoetisch		0.0000	undef
		0.0000	0.0000	undef
15	Hepatisch		0.0129	0.0000
		0.0117	0.0000	undef
		0.0000	0.0000	undef
		0.0025	0.0165	0.1505
20	Magen-Speiseroehre		0.0230	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120 0.0068	0.9993 2.6050
	Pankreas		0.0110	0.6857
		0.0090	0.0267	0.3369
	Prostata		0.0064	2.6101
25		0.0066	0.0214	0.3094
	Brust-Hyperplasie		0.021.	
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044		
•				
	·			
25		FOETUS	•	
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		<i>:</i>
•	Gastrointenstinal			•
	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0037		
•		0.0247	1	
	Prostata	0.0499		
45	Sinnesorgane			•
		•		
•			STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
60	•	<b>%</b> Haeufigkeit		
50	D	0.0126	•	•
		0.0136	•	•
	Eierstock-Uterus			# · · · · · · · ·
-	Endokrines_Gewebe	0.0134		
55	Gastrointestinal		1.	
33	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		•
60		0.0100		
	Prostata			
	Sinnesorgane			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnis	se
			%Haeufigkeit		T/N
5		_			
		0.0093	0.0000	undef	0.0000
		0.0013	0.0087	0.1529	6.5404
	Eierstock		0.0078	0.3895	2.5671
••	Endokrines_Gewebe		0.0054	0.6698	1.4930
. 10	Gastrointestinal		0.0048	0.8143	1.2281
		0.0025	0.0033	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch		0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch		0.0000	undef	undef
15		0.0021 · 0.0000	0.0000	undef	0.0000
		0.0025	0.0000	undef	undef
	Mägen-Speiseroehre		0.0047	0.5267	1.8986
	Muskel-Skelett		0.0000 0.0060	undef 0.2855	0.0000 3.5025
20	•		0.0068	1.3025	0.7678
20	Pankreas		0.0055	1.7142	0.5834
		0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0000	undef	0.0000
	Uterus		0.0000	undef	undef \
25	Brust-Hyperplasie				
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie				
	Samenblase				
	Sinnesorgane	0.0000		•	
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		•	
	,		•		
٠.					
	•	FOETUS			
35		%Haeufigkeit		•	
<b>J</b> J.	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal				•
	Gehirn			•	
	Haematopoetisch				
40	Herz-Blutgefaesse				
		0.0000			
	-	0.0000			•
	Prostata				
	Sinnesorgane				
45 ·			•	4.	•
		NORMIERTE/SU	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN	
	•	%Haeufigkeit			
60	_				
50		0.0000			
	Eierstock-Uterus	•			
	Endokrines_Gewebe				
	Foetal		•		·
55	Gastrointestinal				
J.)	Haematopoetisch Haut-Muskel				
		0.0000			
		0.0082			
	Nerven				•
60	Prostata				
	Sinnesorgan		)		• .
					,

T/N

undef 1.6351 0.8557 0.2488 0.0000

0.1615 0.0000 undef

undef undef 0.0000 5.6957 undef 3.5025 2.3033 0.0000 0.0000 0.0000

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T
5		•	-	
		0.0000	0.0026	0.0000
		t0.0027	0.0044	0.6116
•	Eierstock		0.0052	1.1686
10	Endokrines_Gewebe		0.0027	4.0187
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 6.1928
	Gehirn Haematopoetisch		0.0011 0.0000	undef
		0.0028	0.0000	undef
	Hepatisch		0.0129	0.0000
15		0.0021	0.0000	undef
		0.0122	0.0000	undef
		0.0012	0.0071	0.1756
	Magen-Speiseroehre		0.0077	0.0000
•	Muskel-Skelett		0.0060	0.2855
20		0.0030	0.0068	0.4342
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef
•	Prostata	0.0119	0.0000	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		•
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
20	Sinnesorgane			•
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		•
			• •	
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35		,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,		
	Entwicklung	0.0000	•	•
	Gastrointenstinal	0.0062		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		; '
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		•
	Lunge	0.0000		
		0.0000		
	Prostata			
40	Sinnesorgane	0.0000		
45	•			
**		NODWIEDER / CIT	SMRRUTERME DIE	TOPUEVEN
	•		STRAHIERTE BIE	PLICITEREN
		%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0068		
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines Gewebe			
-	Foetal		•	
•	Gastrointestinal			•
55	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0078		
		0.0000		
	Nerven			
60	Prostata	,		•
	Sinnesorgane			
				•

•		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	e
			%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		-		•	
•		0.0000	0.0000	undef	undef
		0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock		0.0000	undef	undef 1.4930
10	Endokrines_Gewebe		0.0027	0.6698 undef	0.0000
10	Gastrointestinal Gehirn		0.0000 0.0022	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch		0.0000	undef	undef
	-	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0000	undef	undef
15	•	0.0011	0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0117	0.0000	undef
		0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20 ·	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas		0.0000	undef	0.0000
		0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0000	undef	0.0000
26	Uterus		0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie			,	
	Duenndarm Prostata-Hyperplasie				
	Samenblase			*	•
	Sinnesorgane			• •	
30	Weisse_Blutkoerperchen				
		,			
	•				
		FOETUS			
2.5	l .	%Haeufigkeit	•		
35					
	Entwicklung Gastrointenstinal				
	Gehirn				
	Haematopoetisch				
40	Herz-Blutgefaesse				
		0.0037			
		0.0062			
	Prostata	0.0000	•	•	
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
				T TORUNDEN	
	,		BTRAHIERTE BI	BLIOTHEREN	
	· ¥ · *	%Haeufigkeit	•		
50	Drugt	0.0000			
50	Eierstock-Uterus				
	Endokrines Gewebe			•	٠.
	· —	0.0029			
	Gastrointestinal		•		•
55	Haematopoetisch	and the second second			
	Haut-Muskel		•		
		0.0000		•	
		0.0000		*	
		0.0030	•		
60	Prostata				
	Sinnesorgane	0.0077	•	,	

	•				_
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	
•		-	%Haeufigkeit		T/N
-5		0.0000	0.0051	0.0000	undef
		0.0040	0.0000	undef	0.000
-	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe		0.0027	1.3396 1.2214	0.7465
10	Gastrointestinal		0.0048	0.7741	0.8187 1.2918
10	Gehirn		0.0022	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000 0.0000	undef	undef
-	Hepatisch		0.0129	0.0000	under
•	•	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15		0.0004	0.0000	undef	0.0000
13		0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre		0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett		0.0000	undef	0.0000
	The state of the s	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas		0.0110	0.1714	5.8337
20		0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0043	2.7966	0.3576
	Uterus		0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.000		
25	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie	•	•		
-	Samenblase				
	Sinnesorgane	0.0000		•	
	Weisse Blutkoerperchen				
30	<u>-</u>				
•		FOETUS			
	:	%Haeufigkeit			
	•				
35	Entwicklung				
	Gastrointenstinal				
	Gehirn			•	
	Haematopoetisch				
40	Herz-Blutgefaesse				
40		0.0000			
		0.0000			
	Prostata				
	Sinnesorgane	0.0000			
45			•		
43		NODMIEDEE /CUE	STRAHIERTE BIE	TOPUEKEN	
		%Haeufigkeit	SIRMITERIE DI	DIOTHEREN.	•
		emeatly kelt			
	Rrnst	0.0000	•		
50	Eierstock-Uterus				
	Endokrines Gewebe		•		•
	Foetal				
	Gastrointestinal		•		
*	Haematopoetisch				
<b>55</b> .	Haut-Muskel				•

Hoden 0.0000 Lunge 0.0000 Nerven 0.0000

Prostata 0.0192 Sinnesorgane 0.0000

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	е
•		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Place	0.0000	0.0051	0.0000	undef
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock		0.0052	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe		0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal		0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0093	0.0022	4.2576	0.2349
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0065	0.7651	1.3069
15		0.0042	0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0000	undef	undef
		0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0077	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000 0.0000	undef undef	0.0000
20	Pankreas		0.0055	0.0000	undef
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata		0.0000	undef	0.0000
	Uterus		0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie				
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie			•	
	Samenblase	0.0000	,		
	Sinnesorgane				
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
	•	%Haeufigkeit			
35	,	······································			•
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointenstinal	0.0031			•
		0.0000			
	Haematopoetisch		. *	•	
40	Herz-Blutgefaesse			•	
		0.0000			
		0.0000			
	Prostata				
45	Sinnesorgane	0.0000			
45	·				
		NORMIERTE/SUE	TRAHIERTE BIE	LIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	•		
50		0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0137	•		· ·
	Endokrines_Gewebe			•	
	Foetal				
	Gastrointestinal				
55	Haematopoetisch				
	Haut-Muskel				•
		0.0078			
		0.0000	•		
60	Nerven Prostata				•
•	Sinnesorgane				
	Simesorgane	0.0077		•	
		•			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	e
	,	%Haeufigkeit	<b>%Haeufigkeit</b>	N/T	T/N
5	_				
		0.0000	0.0000	undef	undef
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock		0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal Gehirn		0.0048 0.0022	0.4071 0.0000	2.4562 undef
	Haematopoetisch		0.0022	undef	undef
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0000	undef	undef
15		0.0000		undef	undef
1.5		0.0000		undef	undef
		0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0073		,	
	Duenndarm		2		
	Prostata-Hyperplasie				
•	Samenblase				
	Sinnesorgane				
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	•		•
•	•	a.		*	
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35		unacurryncre			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal		• •		
	Gehirn				
	Haematopoetisch	0.0000	•		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000	•		
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000	•		
	Prostata				
45	Sinnesorgane	0.0000			
45		•			•
		NODMIEDTE / CIT	BTRAHIERTE BI	RI.TOPHEKEN	
		%Haeufigkeit		SELOTHENEN	
	•	ondedrighere	•		
50	Brust	0.0000		•	
•	Eierstock-Uterus				
•	Endokrines Gewebe		•		
		0.0029			-
	Gastrointestinal				
55·	Haematopoetisch				
	Haut-Muskel	0.0000	•		*
		0.0000			
		0.0000			
		0.0000		-	
60	Prostata		•		
	Sinnesorgane	0.0000		-	•

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 32

	•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	2
			%Haeufigkeit		T/N
5			······		
-	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
		0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines Gewebe		0.0136	0.4019	2.4884
10	Gastrointestinal		0.0095	0.2036	4.9124
	Gehirn	0.0076	0.0044	1.7417	0.5741
	Haematopoetisch		0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef .	undef
	Muskel-Skelett		0.0180	0.0952	10.5076
20	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas		0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata		0.0000	undef	0.0000
	Uterus		0.0142	0.1160	8.6176
25	Brust-Hyperplasie				
	Duenndarm				
	Prostata-Hyperplasie				
	Samenblase				•
20	Sinnesorgane			•	
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
		•			•
		EOEMITC.			•
		FOETUS	•		
35	·	%Haeufigkeit		•	
33	Entwicklung	0.0000	,		
	Gastrointenstinal				
	Gehirn				
	Haematopoetisch				
40	Herz-Blutgefaesse				
		0.0000			
		0.0062	•		
	Prostata				
	Sinnesorgane			•	
45	3				
	•				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus				
	Endokrines_Gewebe			•	
		0.0128		•	
	Gastrointestinal				
55	Haematopoetisch				
	Haut-Muskel				
		0.0468		·	
	•	0.0082		•	•
<b>C</b> C	•	0.0060		•	
60	Prostata		•		•
	Sinnesorgane	0.0232			

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 33

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                                Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                     T/N
                                                                1.8185 0.5499
• 5
                             Blase 0.0046
                                                 0.0026
                            Brust 0.0013
                                                 0.0022
                                                                0.6116 1.6351
                       Eierstock 0.0000
                                                 0.0026
                                                                0.0000 undef
                                                               undef 0.0000
undef 0.0000
                                                 0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0055
                Gastrointestinal 0.0019
                                                 0.0000
10
                           Gehirn 0.0042
                                                 0.0077
                                                                0.5529 1.8085
                                                              undef undef
undef undef
0.0000 undef
                                                 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                                                 0.0000
                            Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
                                                 0.0129
                             Herz 0.0000
                                                                undef undef
                                                 0.0000
                                                                0.0000 undef
15
                            Hoden 0.0000
                                                 0.0117
                                                                0.5267 1.8986
                            Lunge 0.0025
                                                 0.0047
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                 0.0000
                                                                undef undef
                                                 0.0000
                                                                undef undef
undef 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0000
                            Niere 0.0030
                                                 0.0000
                                                                undef undef
undef 0.0000
3.3559 0.2980
20
                         Pankreas 0.0000
                                                 0.0000
                            Penis 0.0030
                                                 0.0000
                                                 0.0021
                         Prostata 0.0071
                                                 0.0000
                                                                undef 0.0000
                          'Uterus 0.0017
               Brust-Hyperplasie 0.0000
                        Duenndarm 0.0062
25
            Prostata-Hyperplasie 0.0119
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0017
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0000
                           Gehirn 0.0063
                 Haematopoetisch 0.0039
               Herz-Blutgefaesse 0.0041
                            Lunge 0.0000
40
                            Niere 0.0062
                         Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                Eierstock-Uterus 0.0023
               Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                          Foetal 0.0017
                Gastrointestinal 0.0244
Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0000
                            Hoden 0.0000
                            Lunge 0.0000
55
                           Nerven 0.0030
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
60
```

```
NORMAL
                                                                 Verhaeltnisse
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                       T/N
                                                                 0.0000 undef
 5
                                                  0.0026
                            Blase 0.0000
                                                                 1.4270 0.7008
                            Brust 0.0093
                                                  0.0065
               Eierstock 0.0091
Endokrines_Gewebe 0.0055
                                                  0.0130
                                                                 0.7012 1.4262
                                                                 2.0093 0.4977
                                                  0.0027
                                                                 0.2036 4.9124
                Gastrointestinal 0.0039
                                                  0.0190
10
                           Gehirn 0.0008
                                                  0.0033
                                                                 0.2580 3.8754
                 Haematopoetisch 0.0112
                                                                 undef 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 undef undef
undef undef
                        Haut 0.0000
Hepatisch 0.0000
                                                  0.0000
                                                  0.0000
                             Herz 0.0053
                                                  0.0137
                                                                 0.3854 2.5949
                                                  0.0000
                                                                 undef undef
1.5801 0.6329
15
                             Hoden 0.0000
                             Lunge 0.0037
                                                  0.0024
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                   0.0000
                                                                 undef undef
                  Muskel-Skelett 0.0017
Niere 0.0089
                                                  0.0060
                                                                 0.2855 3.5025
                                                  0.0137
                                                                 0.6512 1.5355
                                                                 undef 0.0000
undef 0.0000
20
                         Pankreas 0.0057
                                                  0.0000
                            Penis 0.0120
                                                  0.0000
                                                                 4.4745 0.2235
                         Prostata 0.0095
                                                  0.0021
                                                   0.0000
                                                                 undef 0.0000
                           Uterus 0.0033
               Brust-Hyperplasie 0.0000
25
                        Duenndarm 0.0093
            Prostata-Hyperplasie 0.0030
                       Samenblase 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0118
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0009
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0154
35
                           Gehirn 0.0000
               Haematopoetisch 0.0039
Herz-Blutgefaesse 0.0082
                             Lunge 0.0074
40
                             Niere 0.0000
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                    %Haeufigkeit
                             Brust 0.0000
                Eierstock-Uterus 0.0297
               Endokrines_Gewebe 0.0245
50
                            Foetal 0.0082
                 Gastrointestinal 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0057
                      Haut-Muskel 0.0032
                             Hoden 0.0156
55
                             Lunge 0.0000
                           Nerven 0.0080
                          Prostata 0.0064
                     Sinnesorgane 0.0000
```

60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
5			%Haeufigkeit	
		0.0046	0.0077	0.6062 1.6497
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874 11.445
	Eierstock		0.0026	3.5059 0.2852
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642 0.2729
•	Gehirn	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0248	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2312 4.3248
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0261	0.0095	2.7652-0.3616
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0297	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0064	2.2373 0.4470
25	Uterus		0.0000	undef 0.0000
23	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	4	FOETUS		
		%Haeufigkeit	•	•
.35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0031		*
	Gehirn	0.0000		
,	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
40	Lunge	0.0074		
		0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
	•			
45		NONATED AD LON		A TOMUNICAL
			BTRAHIERTE BII	RETOLHEKEN
		%Haeufigkeit		
	•	0.0000		
-	Eierstock-Uterus		•	
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal			
	Gastrointestinal	0.0244	•	
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0032		•
55		0.0000	-	
		0.0246		•
		0.0010	*	
	Prostata			
•	Sinnesorgane			
60				•
	•			

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                               Verhaeltnisse
                           %Haeufigkeit
                                                 %Haeufigkeit N/T
                                                                      T/N
                                                               undef 0.0000
5
                            Blase 0.0093
                                                 0.0000
                           Brust 0.0013
                                                 0.0000
                                                               undef 0.000
                                                               undef undef
undef 0.0000
                                   0.0000
                                                 0.0000
                    Eierstock
               Endokrines Gewebe 0.0018
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
                Gastrointestinal 0.0039
                                                 0.0000
10
                          Gehirn 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                                                               undef undef
                 Haematopoetisch 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                            Haut 0.0000
                                                 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef
                                                                      undef
                             Herz 0.0011
                                                               undef 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
undef 0.0000
15
                            Hoden 0.0000
                                                 0.0000
                            Lunge 0.0012
                                                 0.0000
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                                                               undef undef
undef undef
                                                 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0000
                            Niere 0.0000
                                                 0.0000
                         Pankreas 0.0000
20 -
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                                                               undef 0.0000
4.4745 0.2235
                                                 0.0000
                            Penis 0.0030
                         Prostata 0.0095
                                                 0.0021
                                                               0.1393 7.1813
                          Uterus 0.0050
                                                 0.0356
               Brust-Hyperplasie 0.0000
Duenndarm 0.0093
25
            Prostata-Hyperplasie 0.0000
                      Samenblase 0.0089
                    Sinnesorgane 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0000
                           Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                            Lunge 0.0000
40
                            Niere 0.0062
                         Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                Eiérstock-Uterus 0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                           Foetal 0.0000
                Gastrointestinal 0.0122
Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0000
                            Hoden 0.0000
55
                            Lunge 0.0000
                           Nerven 0.0000
                         Prostata 0.0064
                     Sinnesorgane 0.0000
60
```

```
Verhaeltnisse
                                 NORMAL
                                               TUMOR
                                 %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
5
                                                             0.9792 1.0213
                          Blase 0.0325
                                               0.0332
                                                             1.4950 0.6689
                          Brust 0.0293
                                               0.0196
                      Eierstock 0.0000
                                                             0.0000 undef
                                               0.0104
              Endokrines_Gewebe 0.0091
                                                             undef 0.0000
undef 0.0000
                                               0.0000
               Gastrointestinal 0.0252
                                               0.0000
                                                             0.6451 1.5502
10
                         Gehirn 0.0085
                                               0.0131
                                                             undef 0.0000
undef 0.0000
                Haematopoetisch 0.0098
                                               0.0000
                           Haut 0.0249
                                               0.0000
                                                             0.0000 undef
                      Hepatisch 0.0000
                                               0.0065
                           Herz 0.0636
                                               0.1649
                                                             0.3854 2.5949
15
                          Hoden 0.0183
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                                                             1.2792 0.7818
                          Lunge 0.0212
                                               0.0165
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                               0.0153
                                                             0.0000 undef
                 Muskel-Skelett 0.0137
                                               0.0060
                                                             2.2841 0.4378
                          Niere 0.0208
                                                             1.5196 0.6581
                                               0.0137
20
                       Pankreas 0.0284
                                                             1.7142 0.5834
                                               0.0166
                          Penis 0.0000
                                               0.0533
                                                             0.0000 undef
                                                             0.4475 2.2349
                       Prostata 0.0048
                                               0.0106
                                                             undef 0.0000
                         Uterus 0.0033
                                               0.0000
              Brust-Hyperplasie 0.0036
25
                      Duenndarm 0.0218
           Prostata-Hyperplasie 0.0119
                     Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0588
         Weisse Blutkoerperchen 0.1045
30
                                 FOETUS
                                 %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0154
35
              Gastrointenstinal 0.0123
                          Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0118
             Herz-Blutgefaesse 0.0041
                          Lunge 0.0148
40
                          Niere 0.0000
                        Prostata 0.0249
                   Sinnesorgane 0.0000
45
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
               Eierstock-Uterus 0.0114
              Endokrines_Gewebe 0.1224
50
                         Foetal 0.0122
               Gastrointestinal 0.0366
                Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0291
                           Hoden 0.0000
55
                           Lunge 0.0164
                          Nerven 0.0040
                        Prostata 0.0385
                   Sinnesorgane 0.0000
60
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	e
		%Haeufigkeit			T/N
5	Blase		0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0022	0.0000	undef
•	Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	. Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	unde f
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	· Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm				
-	Prostata-Hyperplasie	0.0059		•	
•	Samenblase				
	Sinnesorgane				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
30					•
•		DODMING			
•	•	FOETUS	<b>*</b> .	·	
•	Patroi aklama	%Haeufigkeit	¥		
35	Entwicklung				
33	Gastrointenstinal Gehirn			-	•
	Haematopoetisch				
	Herz-Blutgefaesse				
	· ·	0.0037			
40		0.0000			
40	Prostata	and the second s			
	Sinnesorgane				
	bimicoorganic	0.0000			•
45		NORMIERTE/SUI	STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit			
				:	
-	-	0.0000			
	Eierstock-Uterus				•
50	Endokrines_Gewebe				
	Foetal		•		
; ·	Gastrointestinal				
•	Haematopoetisch		•		
	Haut-Muskel		. •	· ·	
55		0.0078			
		0.0082			
	Nerven			- '	=
	Prostata			•	
	Sinnesorgane	0.0000			-

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 42

	•				
	•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnis	se
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines Gewebe	0.0109	0.0082	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn		0.0055	0.7741 .	1.2918
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
		0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0000	undef	undef
	•	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15		0.0000	0.0000	undef	undef
,		0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett		0.0060	0.0000	undef
		0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas		0.0000	undef	0.0000
20	•	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0000	undef	0.0000
		0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.0000	unacı	0.000,0
25	Duenndarm				
23	Prostata-Hyperplasie		•		
	Samenblase				
	Sinnesorgane				
	Weisse Blutkoerperchen				
30	wersse_brackoerperchen	0.0017			•
50					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			•
•					
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0062			
	Gehirn				
	Haematopoetisch	0.0039		·	. `
	Herz-Blutgefaesse	0.0041			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000		•	
45				•	-
•			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN	
•	•	%Haeufigkeit			
				•	
50		0.0136			
50	Eierstock-Uterus				
	Endokrines_Gewebe				
	•	0.0070			
	Gastrointestinal	· ·			
ee.	Haematopoetisch		•		
55 <sup>.</sup>	Haut-Muskel				
		0.0000	. •	+1	
		0.0000			
-		0.0020	•		
	Prostata				-
60	Sinnesorgane	0.0000			

	•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		<b>%</b> Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	•			
		0.0372	0.0230	1.6164 0.6186
		0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0130	0.9349 1.0696 0.4262 2.3462
10	Endokrines_Gewebe Gastrointestinal		.0.0300	0.4262 2.3462
10	Gastrointestinai Gehirn		0.0333 0.0471	0.1260 7.9354
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	•• –	0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0259	0.1913 5.2277
15	<del>-</del> .	0.0201	0.0137	1.4644 0.6829
		0.0000	0.0117	0.0000 undef
		0.0274	0.0189	1.4485 0.6904
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0089	0.0137	0.6512 1.5355
	Pankreas		0.0166	0.4571 2.1876
		0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0106	3.1322 0.3193
0.5	Uterus		0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm		•	
	Prostata-Hyperplasie		*	
	Samenblase Sinnesorgane		•	
30	Weisse Blutkoerperchen			
,50	"CIOSC_DIECKOOIPCICHEM	0.0052		
	·	FOETUS		•
	•	%Haeufigkeit		
35	•			·
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			••
	Gehirn			
40	Haematopoetisch		•	
40	Herz-Blutgefaesse			
	Niere	0.0222		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
45	brincoorgune	0.0000		
		NORMIERTE/SUI	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •
	Gastrointestinal			
55	Haematopoetisch			
55	Haut-Muskel		•	
		0.0000	•	•
		0.0082 0.0050		
	Prostata			
60	Sinnesorgane			•
00	Jimesorgane	0.0000		*

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	n/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
•	Brust	0.0040	0.0131	0.3058 3.2702
•	Eierstock	0.0122	0.0234	0.5194 1.9254
	Endokrines Gewebe		0.0109	0.3349 2.9861
	Gastrointestinal		0.0095	1.2214 0.8187
10	Gehirn		0.0164	0.3096.3.2295
••	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0085	0.0137	0.6166 1.6218
15		0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
15.		0.0075	0.0095	0.7901 1.2657
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
		0.0030	0.0068	0.4342 2.3033
20	Pankreas		0.0055	1.3713 0.7292
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0119	0.0043	2.7966 0.3576
	Uterus	0.0083	0.0071	1.1604 0.8618
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
25	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030	<b>t</b> ,	
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
30		*****		
				•
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			· ·
•	Gehirn			
	Haematopoetisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0037		
40		0.0062	•	
40	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0140		
	•			
45		MADMIEDTE/SIII	BTRAHIERTE BI	RI.TOTHEKEN
43		%Haeufigkeit	DIREMILLINIE DI	
-	Dwint		•	
		0.0000		
	Eierstock-Uterus			
50	Endokrines_Gewebe		4	
50	•	0.0117		•
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
e - ·		0.0000		
55		0.0164		•
		0.0110		
	Prostata	0.0192		
	Sinnesorgane	0.0000		•
	•			
60				

46

## Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 47

```
TUMOR
                                   NORMAI.
                                                               Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                      T/N
 5
                                                               1.2123 0.8249
                             Blase 0.0093
                                                 0.0077
                            Brust 0.0093
                                                 0.0283
                                                               0.3293 3.0366
                        Eierstock 0.0182
                                                 0.0052
                                                               3.5059 0.2852
                                                               undef undef undef 0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                 0.0000
                Gastrointestinal 0.0504
                                                 0.0000
10
                                                               0.0000 undef
                        Gehirn 0.0000
                                                 0.0033
                                                               undef 0.0000
undef 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0042
Haut 0.0050
                                                 0.0000
                                                 0.0000
                                                               7.6515 0.1307
                        Hepatisch 0.0495
                                                 0.0065
                            Herz 0.0074
Hoden 0.0000
                                                 0.0137
                                                               0.5395 1.8535
15
                                                               undef undef
                                                 0.0000
                            Lunge 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                  Muskel-Skelett 0.0120
                                                 0.0060
                                                               1.9985 0.5004
                            Niere 0.0238
                                                               undef 0.0000
                                                 0.0000
20
                         Pankreas 0.0511
                                                 0.0276
                                                               1.8513 0.5402
                            Penis 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                                                               2.2373 0.4470
undef 0.0000
                                                 0.0149
                         Prostata 0.0333
                           Uterus 0.0017
                                                 0.0000
               Brust-Hyperplasie 0.0109
25
                        Duenndarm 0.1028
            Prostata-Hyperplasie 0.0059
                       Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0183
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0462
                           Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0197
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                            Lunge 0.0000
40
                            Niere 0.0062
                         Prostata 0.0249
                    Sinnesorgane 0.0000
45
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                Eierstock-Uterus 0.0160
               Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                           Foetal 0.0122
                Gastrointestinal 0.0122
                 Haematopoetisch 0.0000
Haut-Muskel 0.0324
                            Hoden 0.0000
55
                            Lunge 0.0000
                           Nerven 0.0000
                         Prostata 0.0256
                    Sinnesorgane 0.0000
```

60

```
NORMAL
                                                  TUMOR
                                                                 Verhaeltnisse
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                      T/N
                                                  0.0741
                                                                 0.6271 1.5947
<sub>.</sub> 5
                             Blase 0.0465
                             Brust 0.0386
                                                  0.0501
                                                                 0.7711 1.2968
                        Eierstock 0.0334
                                                  0.0546
                                                                 0.6121 1.6336
               Endokrines_Gewebe 0.0310
Gastrointestinal 0.0252
                                                                 1.0351 0.9661
                                                  0.0300
                                                                 1.3232 0.7558
                                                  0.0190
10
                           Gehirn 0.0458
                                                                 0.6532 1.5310
                                                  0.0701
                  Haematopoetisch 0.0112
                                                  0.1135
                                                                 0.0986 10.1456
                                                                 undef 0.0000
undef 0.0000
0.8170 1.2240
                             Haut 0.0448
                                                  0.0000
                        Hepatisch 0.0347
Herz 0.1123
                                                  0.0000
                                                  0.1375
15
                             Hoden 0.0366
                                                  0.0468
                                                                 0.7835 1.2763
              Lunge 0.0535
Magen-Speiseroehre 0.0193
                                                  0.0449
                                                                 1.1920 0.8389
                                                                 1.2599 0.7937
                                                  0.0153
                   Muskel-Skelett 0.0685
                                                  0.1860
                                                                 0.3684 2.7145
                             Niere 0.0119
                                                  0.0890
                                                                 0.1336 7.4857
                         Pankreas 0.0151
20
                                                                 0.1828 5.4691
                                                  0.0828
                             Penis 0.1018
                                                  0.0533
                                                                 1.9092 0.5238
                         Prostata 0.0167
                                                  0.0064
                                                                 2.6101 0.3831
                          Uterus 0.0545
                                                                 0.2070 4.8311
                                                  0.2634
               Brust-Hyperplasie 0.0981
25
                        Duenndarm 0.0312
            Prostata-Hyperplasie 0.0386
                     Samenblase 0.0178
Sinnesorgane 0.0235
          Weisse Blutkoerperchen 0.0009
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.1383
35
               Gastrointenstinal 0.0924
                           Gehirn 0.0063
                  Haematopoetisch 0.0393
               Herz-Blutgefaesse 0.0654
                             Lunge 0.0592
40
                             Niere 0.0309
                         Prostata 0.2992
                     Sinnesorgane 0.0279
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                    %Haeufigkeit
                             Brust 0.0204
                Eierstock-Uterus 0.0068
                Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0099
50
                 Gastrointestinal 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                      Haut-Muskel 0.0000
                             Hoden 0.0000
55
                             Lunge 0.0000
                           Nerven 0.0171
                          Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0387
```

60

```
NORMAL.
                                                                   Verhaeltnisse
                                                    TUMOR
                                                                   N/T T/N
undef undef
                                     %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
 5
                             Blase 0.0000
                                                    0.0000
                                                                   0.6116 1.6351
                             Brust 0.0013
                                                    0.0022
                                                    0.0000
                                                                   undef 0.0000
undef 0.0000
                     Eierstock
                                     0.0030
              Endokrines_Gewebe
                                     0.0036
                                                    0.0000
                 Gastrointestinal 0.0000
                                                    0.0000
                                                                   undef undef
                            Gehirn 0.0008
                                                                   0.0860 11.6263
10
                                                    0.0099
                                                                   undef undef
                  Haematopoetisch 0.0000
                                                    0.0000
                              Haut 0.0000
                                                    0.0000
                                                                   undef undef
                                                                   undef undef
undef 0.0000
                         Hepatisch 0.0000
                                                    0.0000
                              Herz 0.0032
                                                    0.0000
15
                                                                   undef 0.0000
                              Hoden 0.0061
                                                    0.0000
                              Lunge 0.0000
                                                    0.0000
                                                                   undef undef
                                                                   undef undef
               Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                    0.0000
                                                                   undef undef
undef 0.0000
                   Muskel-Skelett 0.0000
                                                    0.0000
                             Niere 0.0059
                                                    0.0000
20
                          Pankreas 0.0000
                                                    0.0000
                                                                   undef undef
                          Penis 0.0000
Prostata 0.0119
                                                    0.0000
                                                                   undef undef
                                                                   5.5932 0.1788
                                                    0.0021
                            Uterus 0.0083
                                                    0.0000
                                                                   undef 0.0000
                Brust-Hyperplasie 0.0036
                         Duenndarm 0.0000
25
            Prostata-Hyperplasie 0.0030
                        Samenblase 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
30
                                     FOETUS
                                     %Haeufigkeit
                Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0031
35
                            Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
Herz-Blutgefaesse 0.0000
                              Lunge 0.0037
                          Niere 0.0000
Prostata 0.0000
40
                      Sinnesorgane 0.0000
                                     NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                     %Haeufigkeit .
                             Brust 0.0136
                Eierstock-Uterus 0.0114
Endokrines Gewebe 0.0000
50
                            Foetal 0.0017
                 Gastrointestinal 0.0122
Haematopoetisch 0.0000
                       Haut-Muskel 0.0000
                              Hoden 0.0000
55
                              Lunge 0.0000
                            Nerven 0.0040
                          Prostata 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0000
60
```

```
NORMAL
                                                                Verhaeltnisse
                                                  TUMOR
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                      T/N
 5
                                                  0.0051
                                                                0.0000 undef
                            Blase 0.0000
                            Brust 0.0000
                                                  0.0044
                                                                0.0000 undef
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
                        Eierstock 0.0030
               Endokrines Gewebe 0.0055
                                                  0.0027
                                                                2.0093 0.4977
                Gastrointestinal 0.0058
                                                                1.2214 0.8187
                                                  0.0048
10
                                                                undef undef
undef undef
                           Gehirn 0.0000
                                                  0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                                                  0.0000
                             Haut 0.0000
                                                  0.0000
                                                                undef undef
                                                  0.0000
                        Hepatisch 0.0000
Herz 0.0032
                                                                undef undef
undef 0.0000
                                                  0.0000
15
                            Hoden 0.0000
                                                  0.0000
                                                                undef undef
              Lunge 0.0000
Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                                0.0000 undef
                                                  0.0024
                                                                0.0000 undef
                                                  0.0153
                  Muskel-Skelett 0.0034
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
                         Niere 0.0000
Pankreas 0.0000
                                                                undef undef
undef undef
                                                  0.0000
20
                                                  0.0000
                                                  0.0000
                                                                undef undef
                            Penis 0.0000
                         Prostata 0.0071
                                                  0.0021
                                                                3.3559 0.2980
                           Uterus 0.0033
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
               Brust-Hyperplasie 0.0036
25
                        Duenndarm 0.0000
            Prostata-Hyperplasie 0.0030
                     Samenblase 0.0000
Sinnesorgane 0.0000
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0000
                           Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                            Lunge 0.0037
40
                            Niere 0.0062
                         Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0140
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                Eierstock-Uterus 0.0046
                Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                           Foetal 0.0000
                 Gastrointestinal 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                      Haut-Muskel 0.0032
                            Hoden 0.0000
55 ÷
                            Lunge 0.0000
                           Nerven 0.0030
                         Prostata 0.0128
                     Sinnesorgane 0.0000
60
```

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868 0.2180
	Eierstock	0.0152	0.0104	1.4608 0.6846
	Endokrines Gewebe		0.0054	1.6745 0.5972
	Gastrointestinal		0.0048	0.8143 1.2281
10	Gehirn		0.0033	3.3545 0.2981
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	<del>-</del>	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0064	0.0000	undef 0.0000
15		0.0122	0.0000	undef 0.0000
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	0.0062	0.0071	0.8779 1.1391
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett		0.0240	0.2141 4.6701
		0.0178	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas		0.0110	0.1714 5.8337
20		0.0060		undef 0.0000
	Prostata		0.0043	2.7966 0.3576
	Uterus		0.0043	0.2321 4.3088
			0.0214	0.2321 4.3000
25	Brust-Hyperplasie Duenndarm			
23				
	Prostata-Hyperplasie			•
	Samenblase		•	
	Sinnesorgane		,	
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0540		
.30	•			
		FOETUS		
	· . ·	%Haeufigkeit		•
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			•
	Gehirn		*	
	Haematopoetisch		•	
	Herz-Blutgefaesse			
	<del>_</del>	0.0037	•	
40		0.0185		
-10	Prostata			
	Sinnesorgane			
	brimesorgane	0.0550		
				•
45		NORMIERTE/SU	STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		•
	Brust	0.0136		•
٠	Eierstock-Uterus		*	
•	Endokrines Gewebe			
50	<b>—</b> ,	0.0023		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
55		0.0082		
		0.0040		
	Prostata	•		•
	Sinnesorgane		•	
	Stimesorgane	0.0310		
60	•		•	•

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 55

```
NORMAL
                                                  TUMOR
                                                                 Verhaeltnisse
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                      T/N
  5
                                                                 0.6062 1.6497
                             Blase 0.0093
                                                  0.0153
                                                  0.0065
                                                                 0.8154 1.2263
                             Brust 0.0053
                                                  0.0052
                                                                 0.0000 undef
                         Eierstock 0.0000
                Endokrines_Gewebe 0.0055
Gastrointestinal 0.0039
                                                  0.0054
                                                                 1.0047 0.9954
                                                  0.0048
                                                                 0.8143 1.2281
                                                                1.2902 0.7751
undef 0.0000
. 10
                                                  0.0033
                            Gehirn 0.0042
                  Haematopoetisch 0.0028
                                                  0.0000
                              Haut 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 undef undef
                                                                0.3826 2.6139
undef 0.0000
                                                  0.0129
                         Hepatisch 0.0050
                                                  0.0000
                              Herz 0.0074
 15
                             Hoden 0.0061
                                                  0.0234
                                                                0.2612 3.8288
                                                  0.0095
                                                                 1.0534 0.9493
                             Lunge 0.0100
                                                                undef undef undef 0.0000
               Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                  0.0000
                  .Muskel-Skelett 0.0034
                                                  0.0000
                             Niere 0.0089
                                                  0.0137
                                                                 0.6512 1.5355
                          Pankreas 0.0057
                                                                undef 0.0000
 20
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
2.2373 0.4470
                                                  0.0000
                             Penis 0.0030
                          Prostata 0.0048
                                                  0.0021
                            Uterus 0.0066
                                                  0.0071
                                                                 0.9283 1.0772
                Brust-Hyperplasie 0.0036
 25
                         Duenndarm 0.0000
             Prostata-Hyperplasie 0.0059
                        Samenblase 0.0089
                      Sinnesorgane 0.0118
           Weisse_Blutkoerperchen 0.0026
 30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
                       Entwicklung 0.0000
 35
                Gastrointenstinal 0.0031
                            Gehirn 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                Herz-Blutgefaesse 0.0000
                             Lunge 0.0000
  40
                             Niere 0.0062
                         Prostata 0.0249
                      Sinnesorgane 0.0000
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
  45
                                    %Haeufigkeit
                             Brust 0.0000
                 Eierstock-Uterus 0.0046
                 Endokrines_Gewebe 0.0000
  50
                            Foetal 0.0017
                  Gastrointestinal 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                       Haut-Muskel 0.0000
                             Hoden 0.0000
                           Lunge 0.0082
 55
                            Nerven 0.0010
                          Prostata 0.0128
                      Sinnesorgane 0.0000
```

60

PCT/DE99/00722

T/N

0.2750 0.2725 1.2836 5.9721 1.8422 0.9689 0.0000 0.0000

undef 4.3248 0.0000 3.7971 undef 0.0000

undef 0.0000

0.0000 0.2980 undef

WO 99/46375

	•	NORMAL	mrw.co	Monhooltmic
	•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnis
•		%Haeufigkeit	*Haeurigkeit	N/1
5				2 (220
		0.0093	0.0026	3.6370
		0.0080	0.0022	3.6695
	Eierstock		0.0078	0.7791
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0143	0.5428
	Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321
	Haematopoetisch.	0.0084	0.0000	undef
		0.0895	0.0000	undef
	Hepatisch		0.0000	undef
15		0.0032	0.0137	0.2312
**		0.0183	0.0000	undef
_		0.0037	0.0142	0.2634
			0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre			
30	Muskel-Skelett		0.0000	undef
20		0.0000	0.0068	0.0000
	Pankreas		0.0000	undef
		0.0090	0.0000	undef
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559
7	Uterus	0.0000	0.0000	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0182		
	Duenndarm	0.0031	·	
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase		•	
_	Sinnesorgane			:
30	Weisse_Blutkoerperchen		•	
		FOETUS	-	·
			•	
35	Entwicklung	%Haeufigkeit 0.0000		
23	•			•
	Gastrointenstinal	0.0031		
	Gehirn			,
	Haematopoetisch		*	
•	Herz-Blutgefaesse		•	
40		0.0148		•
	Niere			
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000	•	
	•			
45	• •			
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	•	%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus			•
50	Endokrines Gewebe		* . *	
-	Foetal		•	
	Gastrointestinal			
	'`	0.0057		•
	Haematopoetisch			
EF	Haut-Muskel			
55		0.0156		
		0.0082		•
		0.0080		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		•
60	•	•		•

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss	e .
_	•	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	•	0.0046 0.0040	0.0000 0.0022	undef 1.8347	0.0000 0.5450
	Eierstock		0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe		0.0054	0.0000	undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef	0.0000
	Gehirn		0.0033	2.0643	0.4844
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch		0.0000	undef	0.0000
15		0.0011	0.0000	undef	0.0000
		0.0061	0.0000	undef	0.0000
		0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef	undef
20 ·	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000 0.0000	undef undef	undef undef
20	Pankreas		0.0000	undef	undef
		0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata		0.0000	undef	0.0000
	Uterus	•	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0073		· .	_
	Duenndarm				•
	Prostata-Hyperplasie				
· .	Samenblase				•
30	Sinnesorgane			•	•
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		•	
				•	
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35 :					
	Entwicklung				ē
	Gastrointenstinal				
	Gehirn				
40	Haematopoetisch Herz-Blutgefaesse				
70		0.0037			
	-	0.0000			
	Prostata				
	Sinnesorgane	0.0000			
45			* * *		
		MODILED TO A COM	DMD 8 0 TERMS '5 7	TORUEZEN	
			BTRAHIERTE BI	BLIUTHEREN .	
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000		*.	
	Eierstock-Uterus				
	Endokrines/Gewebe		•		
•		0.0000			
	Gastrointestinal				
55	Haematopoetisch				
	Haut-Muskel				
•		0.0000			
		0.0000			
60	nerven Prostata	0.0010			•
. ·	Sinnesorgane				
	Simesorgane	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,			

```
NORMAL
                                                             Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                    T/N
                                                             0.0000 undef
5
                           Blase 0.0000
                                               0.0128
                           Brust 0.0000
                                                             0.0000 undef
                                               0.0022
                      Eierstock 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                                             0.1674 5.9721
              Endokrines_Gewebe 0.0018
                                               0.0109
                                                             undef 0.0000
               Gastrointestinal 0.0078
                                               0.0000
                                                             1.0321 0.9689
10
                          Gehirn 0.0034
                                               0.0033
                Haematopoetisch 0.0000
Haut 0.0000
                                                             undef undef
undef undef
                                               0.0000
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
undef 0.0000
                      Hepatisch 0.0050
                                               0.0000
                            Herz 0.0032
                                               0.0000
15
                           Hoden 0.0183
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                           Lunge 0.0025
                                               0.0071
                                                             0.3511 2.8478
                                                             undef undef
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                               0.0000
                 Muskel-Skelett 0.0051
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                                                             undef undef
0.1714 5.8337
                           Niere 0.0000
                                               0.0000
20
                        Pankreas 0.0019
                                               0.0110
                           Penis 0.0120
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                                               0.0021
                                                             3.3559 0.2980
                        Prostata 0.0071
                                                             undef 0.0000
                          Uterus 0.0033
                                               0.0000
              Brust-Hyperplasie 0.0000
25
                       Duenndarm 0.0093
           Prostata-Hyperplasie 0.0030
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0009
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
              Gastrointenstinal 0.0000
                          Gehirn 0.0188
                Haematopoetisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0041
                           Lunge 0.0037
40
                           Niere 0.0000
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0136
               Eierstock-Uterus 0.0046
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0000
50
               Gastrointestinal 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0000
                          Hoden 0.0000
55
                           Lunge 0.0164
                          Nerven 0.0050
                        Prostata 0.0192
                    Sinnesorgane 0.0000
60
```

65

70

```
Verhaeltnisse
                                  NORMAL
                                                TUMOR
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                    T/N
                                                              1.8185 0.5499
                           Blase 0.0046
                                                0.0026
5
                                                0.0022
                                                              6.1158 0.1635
                           Brust 0.0133
                       Eierstock 0.0061
                                                0.0052
                                                              1.1686 0.8557
              Endokrines Gewebe 0.0000
                                                0.0245
                                                              0.0000 undef
               Gastrointestinal 0.0078
                                                0.0190
                                                              0.4071 2.4562
                                                              5.4187 O.1845
                          Gehirn 0.0119
10
                                                0.0022
                Haematopoetisch 0.0070
                                                0.0757
                                                              0.0924 10.8219
                                                              undef 0.0000
undef 0.0000
                                                0.0000
                            Haut 0.0050
                       Hepatisch 0.0099
                                                0.0000
                                                              0.2698 3.7070
                            Herz 0.0074
                                                0.0275
                                                              0.0000 undef
15
                           Hoden 0.0000
                                                0.0234
                           Lunge 0.0050
                                                              0.4214 2.3732
                                                0.0118
                                                              0.6300 1.5874
             Magen-Speiseroehre 0.0097
                                                0.0153
                                                              undef 0.0000
                Muskel-Skelett 0.0034
                                                0.0000
                           Niere 0.0119
                                                0.0205
                                                              0.5789 1.7275
                                                              undef 0.0000
undef 0.0000
                                                0.0000
20
                        Pankreas 0.0038
                           Penis 0.0060
                                                0.0000
                                                              4.4745 0.2235
                        Prostata 0.0191
                                                0.0043
                          Uterus 0.0066
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
              Brust-Hyperplasie 0.0000
25
                       Duenndarm 0.0031
           Prostata-Hyperplasie 0.0059
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
         Weisse Blutkoerperchen 0.0070
30
                                  FOETUS-
                                  %Haeufigkeit
              Entwicklung 0.0000
Gastrointenstinal 0.0031
35
                          Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0082
                           Lunge 0.0037
40
                           Niere 0.0309
                        Prostata 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0140
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
45
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0068
                Eierstock-Uterus 0.0183
              Endokrines_Gewebe 0.0000
50
                          Foetal 0.0140
                Gastrointestinal 0.0244
                Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0194
                           Hoden 0.0000
55
                           Lunge 0.0000
                          Nerven 0.0161
                        Prostata 0.0128
                    Sinnesorgane 0.0155
60
```

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	
5		0.0186	0.0844	0.2204 4.5368
		0.0560	0.0370	1.5110 0.6618
	Eierstock		0.0260	1.5192 0.6582
	Endokrines_Gewebe		0.0245	0.5209 1.9196
••	Gastrointestinal		0.0857	0.9047 1.1053
10	Gehirn		0.0350	0.7257 1.3779
	Haematopoetisch		0.0378	0.9610 1.0406
		0.2188		undef 0.0000
	Hepatisch		0.0582	0.3401 2.9406
1.5		0.1112	0.1787	0.6225 1.6064
15		0.0183	0.0117	1.5671 0.6381
	_	0.1133	0.0804	1.4097 0.7094
	Magen-Speiseroehre		0.0307	2.2049 0.4535
	Muskel-Skelett			5.6530 0.1769
••		0.0684	0.0753	0.9078 1.1016
20	Pankreas		0.0607	0.2493 4.0107
•		0.0749	0.1066	0.7019 1.4246
•	Prostata		0.0106	6.7118 0.1490
		0.0611	0.0214	2.8624 0.3494
~-	Brust-Hyperplasie			•
25	Duenndarm		•	
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase		•	•
	Sinnesorgane	The state of the s		
àn	Weisse_Blutkoerperchen	0.0670		
30				
		FOETUS		•
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung		•	
35	Gastrointenstinal	0.0154		
	Gehirn	0.0000		•
	Haematopoetisch	0.0079		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
	Lunge	0.0074		
40	Niere	0.0185		
	Prostata	0.0499		
	Sinnesorgane	0.0000		
	•		,	•
45	•	NODMIEDWE/CH	STRAHIERTE BII	TOTUEFEN
<b>4</b> 3 (		%Haeufigkeit	DIKANIEKIE BII	3LIOIHEREN
	Brust	0.0408		•
	Eierstock-Uterus			
	Endokrines Gewebe	· ·		
50-		0.0338		
50	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			*
	Haut-Muskel			•
	Hoden			
55		0.2786		
55		0.0080		
•	Prostata			
	Sinnesorgane			
	oz.m.covzgane		* *	
6Λ				

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5				
-	Blase	0.0093	0.0153	0.6062 1.6497
		0.0160	0.0174	0.9174 1.0901
	Eierstock		0.0182	0.5008 1.9967
		•	0.0102	1.8419 0.5429
10	Endokrines_Gewebe		0.0333	0.5816 1.7193
10	Gastrointestinal			0.3483 2.8707
	Gehirn		0.0219	
	Haematopoetisch		0.0378	0.4805 2.0811
		0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0323	0.3061 3.2673
15	Herz	0.0148	0.0275	0.5395 1.8535
	Hoden	0.0122	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0174	0.0118	1.4748 0.6781
	Magen-Speiseroehre		0.0307	0.9449 1.0583
	Muskel-Skelett		0.0120	1.2848 0.7783
20		0.0416	0.0068	6.0782 0.1645
20	Pankreas		0.0110	1.5428 0.6482
		0.0170	0.0267	0.4492 2.2260
				2.2373 0.4470
	Prostata		0.0085	
	Oterus		0.0142	1.0444 0.9575
<b>25</b> .	Brust-Hyperplasie			
	Duenndarm			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0178		•
	Sinnesorgane	0.0353		
30	Weisse Blutkoerperchen	0.0183		
	•			,
	•			
-		FOETUS		*
•		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0307		
	Gastrointenstinal	0.0062		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0393		
	Herz-Blutgefaesse			
40	· · ·	0.0074		
-10	_	0.0124		
	. Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane			. ,
	Simesorgane	0.0000	•	
45				
43	•	NORMIERTE/SU	ביים און ביים און	RI.TOTHEKEN
	·	%Haeufigkeit	DIRMITERID DI	DDIOI IIII
		anaeurigkert		
	Danie	0.0476		
50	•			
50	Eierstock-Uterus			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0175	•	•
٠.	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			•
55	Haut-Muskel			
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082	*	•
		0.0020		
		0.0000		
60	Sinnesorgane			
		· · · · · ·		
	· ,			

```
Verhaeltnisse
                            NORMAL
                                          TUMOR
                            %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                        0.7358 1.3590
                            0.0100
                                          0.0136
      B Lymphom
                            0.0039
                                                        0.4149 2.4102
                                          0.0094
      Blase
                                                        1.8786 0.5323
      Brust.
                            0.0053
                                          0.0028
                                          0.0028
                                                        5.3823 0.1858
      Dickdarm
                            0.0153
                                          0.0000
                                                        undef 0.0000
      Duenndarm
                            0.0027
                                                        undef 0.0000
0.2826 3.5381
                                          0.0000
10
      Eierstock
                            0.0030 -
      Endokrines Gewebe
                            0.0032
                                          0.0114
                            0.0072
                                          0.0060
                                                        1.2090 0.8271
      Gehirn
                                                        undef 0.0000
0.3662 2.7307
                            0.0037
                                          0.0000
      Haut
      Hepatisch
                            0.0046
                                          0.0127
15
      Herz
                            0.0071
                                          0.0137
                                                        0.5169 1.9348
                            0.0080
                                                        1.3570 0.7369
                                          0.0059
      Hoden
                                                        2.8941 0.3455
                                          0.0037
                            0.0107
      Lunge
                                                        0.0000 undef
      Magen-Speiser.
                            0.0000
                                          0.0064
                                                        undef 0.0000
0.9284 1.0771
                                          0.0000
      Muskel-Skelett
                            0.0086
                                          0.0048
20
                            0.0045
      Niere
                                                        2.0940 0.4776
      Pankreas
                           0.0116
                                          0.0055
      Prostata'
                            0.0038
                                          0.0013
                                                        2.8940 0.3455
                                                        0.3381 2.9576
                            0.0025
                                          0.0075
      T_Lymphom
                                          0.0092
                                                        0.3368 2.9694
      Uterus
                            0.0031
                                                        undef 0.0000
      Weisse Blutkoerper. 0.0089
                                          0.0000
      Haematopoetisch
                            0.0067
                            0.0054
      Penis
      Samenblase
                            0.0000
      Sinnesorgane
                            0.0000
30
```

FOETUS %Haeufigkeit Entwicklung 0.0000 35 Gastrointenstinal 0.0028 Gehirn 0.0125 Haematopoetisch 0.0079 Haut 0.0000 Hepatisch 0.0000 40 Herz-Blutgefaesse 0.0071 Lunge 0.0036 Nebenniere 0.0000 Niere 0.0124 Placenta 0.0121 45 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000

```
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                       %Haeufigkeit
50
                               Brust 0.0204
                             Brust_t 0.0000
                         Dickdarm_t 0.0000
                       Eierstock_n 0.0000
Eierstock_t 0.0152
55
                Endokrines Gewebe 0.0000
Foetal 0.0046
Gastrointestinal 0.0000
                   Haematopoetisch 0.0000
                        Haut-Muskel 0.0130
60
                             Hoden_n 0.0167
                             Hoden t 0.0000
                             Lunge n 0.0000
Lunge t 0.0000
                              Nerven 0.0070
65
                             Niere_t 0.0000
                        Ovar Uterus 0.0203
                         Prostata_n 0.0121
                       Sinnesorgane 0.0000
70
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
TUMOR
                                                                 Verhaeltnisse
                                   NORMAL
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
0.0075 0.0000 undef 0.0000
                                                  0.0000
                        B_Lymphom 0.0075
5
                                                                 0.6638 1.5064
                            Blase 0.0078
                                                  0.0117
                                                                 0.6784 1.4741
                            Brust 0.0114
                                                  0.0169
                                                                 1.3456 0.7432
                         Dickdarm 0.0115
                                                  0.0085
                                                                 1.0306 0.9703
                        Duenndarm 0.0110
                                                  0.0107
                                                                 0.8295 1.2055
                        Eierstock 0.0059
                                                  0.0072
10
                                                                 3.8156 0.2621
               Endokrines Gewebe 0.0144
                                                  0.0038
                          Gehirn 0.0193
                                                  0.0110
                                                                 1.7586 0.5686
                                                                 undef 0.0000
0.0000 undef
                             Haut 0.0220
                                                  0.0000
                        Hepatisch 0.0000
                                                0.0190
                            Herz 0.0173
                                                  0.0137
                                                                 1.2552 0.7967
15
                                                  0.0059
                                                                 1.3570 0.7369
                            Hoden 0.0080
                                                                 1.4909 0.6707
                            Lunge 0.0165
                                                  0.0111
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                  0.0128
                                                                 0.0000 undef
                  Muskel-Skelett 0.0051
Niere 0.0179
                                                                 1.3917 0.7186
                                                  0.0037
                                                                 3,7136 0.2693
                                                  0.0048
20
                                                                 0.0748 13.3714
                         Pankreas 0.0033
                                                  0.0442
                         Prostata 0.0085
                                                  0.0039
                                                                 2.1705 0.4607
                      T_Lymphom 0.0101
Uterus 0.0093
                                                                 1.3525 0.7394
                                                  0.0075
                                                                 0.6735 1.4847
                                                  0.0138
         Weisse Blutkoerperchen 0.0096
                                                                 0.3156 3.1685
25
                                                  0.0304
                 Haematopoetisch 0.0094
                            Penis 0.0134
                       Samenblase 0.0352
                   ` Sinnesorgane 0.0000
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0028
35
                           Gehirn 0.0188
                 Haematopoetisch 0.0079
                       Haut 0.0000
Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                            Lunge 0.0145
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0185
                          Placenta 0.0182
45
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                    %Haeufigkeit
50
                            Brust 0.0068
                       Brust_t 0.0000
Dickdarm_t 0.0000
                      Eierstock_n 0.0000
               Eierstock_t 0.0101
Endokrines_Gewebe 0.0000
                 Foetal 0.0029
Gastrointestinal 0.0244
                  Haematopoetisch 0.0513
                      Haut-Muskel 0.0194
60
                           Hoden_n 0.0000
                           Hoden t 0.0000
                           Lunge_t 0.0000
                           Nerven 0.0161
65
                      Niere_t 0.0000
Ovar_Uterus 0.0068
                       Prostata n 0.0182
                      Sinnesorgane 0.0077
           Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
70
```

```
NORMAL
                                                   TUMOR
                                                                 Verhaeltnisse
                                                                 N/T T/N undef 0.0000
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
5
                        B Lymphom 0.0075
                                                   0.0000
                             Blase 0.0156
                                                   0.0047
                                                                  3.3190 0.3013
                                                   0.0211
                                                                 0.8767 1.1406
                             Brust 0.0185
                                                                 1.5378 0.6503
                         Dickdarm 0.0307
                                                   0.0199
                        Duenndarm 0.0082
                                                   0.0213
                                                                  0.3865 2.5875
10
               Eierstock 0.0059
Endokrines_Gewebe 0.0305
                                                   0.0334
                                                                 0.1778 5.6255
                                                                 1.1468 0.8720
                                                   0.0266
                                                                  2.0767 0.4815
                           Gehirn 0,.0393
                                                   0.0189
                              Haut 0.0257
                                                   0.0000
                                                                 undef 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
                                                                 0.0000 undef
                                                   0.0127.
                                                                 undef 0.0000
15
                              Herz 0.0447
                                                   0.0000
                             Hoden 0.0161
                                                   0.0118
                                                                  1.3571 0.7369
                             Lunge 0.0282
                                                   0.0240
                                                                 1.1739 0.8519
                                                   0.0000
                                                                 undef 0.0000
2.0875 0.4790
              Magen-Speiseroehre 0.0072
                  Muskel-Skelett 0.0154
                                                   0.0074
20
                             Niere 0.0269
                                                   0.0193
                                                                 1.3927 0.7180
                         Pankreas 0.0066
Prostata 0.0179
                                                   0.0000
                                                                 undef 0.0000
                                                                 2.7494 0.3637
                                                   0.0065
                        T_Lymphom 0.0177
                                                   0.0672
                                                                 0.2630 3.8026
                           Uterus 0.0118
                                                   0.0046
                                                                 2.5703 0.3891
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0226
25
                                                   0.0000
                                                                 undef 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0147
                       Penis 0.0188
Samenblase 0.0281
                     Sinnesorgane 0.0000
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0167
                           Gehirn 0.0188
                 Haematopoetisch 0.0079
                             Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0356
                             Lunge 0.0145
                       Nebenniere 0.0254
                             Niere 0.0185
                          Placenta 0.0182
45
                         Prostata 0.0249
                     Sinnesorgane 0.0000
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                    %Haeufigkeit
                             Brust 0.0068
                           Brust_t 0.0000
                       Dickdarm t 0.0000
                      Eierstock n 0.1595
Eierstock t 0.0000
55
               Endokrines Gewebe 0.0000
Foetal 0.0122
                Gastrointestinal 0.0122
                  Haematopoetisch 0.0000
Haut-Muskel 0.0292
60
                           Hoden n 0.0167
                           Hoden_t 0.0000
Lunge_n 0.0195
                           Lunge t 0.0000
65
                            Nerven 0.0311
                           Niere_t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0090
                       Prostata n 0.0061
                     Sinnesorgane 0.0310
70
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                  TUMOR
                                                                Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                       T/N
                                                                undef 0.0000
 5
                                                  0.0000
                        B_Lymphom 0.0050
                                                                undef 0.0000
                            Blase 0.0078
                                                  0.0000
                            Brust 0.0088
                                                 0.0070
                                                                1.2524 0.7985
                         Dickdarm 0.0153
                                                  0.0085
                                                                1.7941 0.5574
                        Duenndarm 0.0192
                                                                0.9018 1.1089
                                                 0.0213
10
                        Eierstock 0.0059
                                                  0.0262
                                                                0.2262 4.4200
               Endokrines_Gewebe 0.0337
                                                 0.0142
                                                                2.3766 0.4208
                           Gehirn 0.0156
Haut 0.0073
                                                                2.2381 0.4468
undef 0.0000
                                                 0.0070
                                                 0.0000
                        Hepatisch 0.0093
                                                 0.0063
                                                                1.4649 0.6826
                                                                undef 0.0000
2.7142 0.3684
                             Herz 0.0183
15
                                                 0.0000
                            Hoden 0.0161
                                                 0.0059
                            Lunge 0.0185
                                                 0.0111
                                                                1.6663 0.6001
                                                0.0000
                                                                undef undef
1.3917 0.7186
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0051
                                                 0.0037
20
                            Niere 0.0157
                                                                3.2497 0.3077
                                                 0.0048
                         Pankreas 0.0099
                                                 0.0055
                                                                1.7949 0.5571
                         Prostata 0.0160
                                                                2.4600 0.4065
                                                 0.0065
                                                                0.5072 1.9717
                        T_Lymphom 0.0152
                                                 0.0299
                           Uterus 0.0089
                                                                1.9277 0.5188
                                                 0.0046
25
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0164
                                                 0.0304
                                                                0.5410 1.8483
                 Haematopoetisch 0.0040
                            Penis 0.0080
                       Samenblase 0.0141
                     Sinnesorgane 0.0118
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0139
Gastrointenstinal 0.0056
35
                           Gehirn 0.0063
                 Haematopoetisch 0.0118
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0178
                          Lunge 0.0072
                      Nebenniere 0.0000
Niere 0.0000
                         Placenta 0.0182
45
                         Prostata 0.0249
                    Sinnesorgane 0.0126
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                          Brust t 0.0000
                     Dickdarm t 0.0000
Eierstock n 0.0000
55
                      Eierstock_t 0.0101
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0058
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                      Haut-Muskel 0.0194
                          Hoden_n 0.0084
                          Hoden t 0.0000
                          Lunge_n 0.0195
                          Lunge_t 0.0000
65
                           Nerven 0.0090
                          Niere t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0090
                      Prostata n 0.0121
                     Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
TUMOR
                                    NORMAL
                                                                 Verhaeltnisse
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
0.0100 0.0000 undef 0.0000
 5
                        B Lymphom 0.0100
                                                  0.0047
                                                                 1.6595 0.6026
                             Blase 0.0078
                            Brust 0.0079
                                                  0.0056
                                                                 1.4090 0.7097
                         Dickdarm 0.0057
                                                  0.0085
                                                                 0.6728 1.4864
                                                                 undef 0.0000
0.2074 4.8219
                        Duenndarm 0.0082
                                                  0.0000
10
                        Eierstock 0.0030
                                                  0.0143
               Endokrines Gewebe 0.0112
                                                  0.0106
                                                                 1.0563 0.9467
                           Gehirn 0.0052
                                                                1.3056 0.7659
                                                  0.0040
                              Haut 0.0037
                                                                 undef 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 0.0000 undef
                        Hepatisch 0.0000
                                                  0.0063
                                                                 undef 0.0000
undef 0.0000
15
                             Herz 0.0132
                                                  0.0000
                             Hoden 0.0040
                                                  0.0000
                                                                 0.9021 1.1085
                           · Lunge 0.0117
                                                  0.0129
                                                                 0.0000 undef
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                  0.0064
                   Muskel-Skelett 0.0086
                                                  0.0074
                                                                 1.1597 0.8623
20
                         Niere 0.0179
Pankreas 0.0083
                                                  0.0048
                                                                 3.7139 0.2693
                                                                 undef 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 1.7364 0.5759
                         Prostata 0.0113
                                                  0.0065
                        T_Lymphom 0.0000
                                                                 0.0000 undef
                                                  0.0149
                           Uterus 0.0044
                                                                 0.9638 1.0375
                                                  0.0046
                                                                 0.2480 4.0326
25
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0075
                                                 . 0.0304
                  Haematopoetisch 0.0067
                            Penis 0.0080
                       Samenblase 0.0141
                     Sinnesorgane 0.0118
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0028
35
                           Gehirn 0.0063
                 Haematopoetisch 0.0039
                             Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                            Lunge 0.0000
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0062
                         Placenta 0.0242
45
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                    %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                          Brust t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
Eierstock_n 0.0000
55
                      Eierstock_t 0.0000
                Endokrines_Gewebe 0.0000
                            Foetal 0.0023
               Gastrointestinal 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
60
                      Haut-Muskel 0.0065
                           Hoden_n 0.0042
                           Hoden t 0.0000
Lunge n 0.0195
                          Lunge_t 0.0000
Nerven 0.0050
65
                           Niere t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0000
Prostata_n 0.0121
                     Sinnesorgane 0.0774
70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 222

5		0.0000 0.0351 0.0070	TUMOR %Haeufigkeit 0.0000 0.0047 0.0014 0.0000	Verhaeltnisse N/T T/N undef undef 7.4677 0.1339 5.0097 0.1996 undef 0.0000
10	Duenndarm		0.0000	undef undef
10	Eierstock		0.0024	0.0000 undef 0.4527 2.2091
	Endokrines_Gewebe Gehirn		0.0035 0.0060	0.2901 3.4467
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0063	0.0000 undef
15	Herz	0.0020	0.0137	0.1477 6.7715
		0.0040	0.0000	undef 0.0000
		0.0039	0.0018	2.1049 0.4751
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000 0.0000	under 0.0000 undef 0.0000
20	Pankreas		0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata		0.0026	2.8941 0.3455
	T Lymphom		0.0000	undef 0.0000
	Üterus		0.0046	1.2851 0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch			•
		0.0054		
	Samenblase		•	•
30	Sinnesorgane	0.0000		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit	•	
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal		•	
	Gehirn			
	Haematopoetisch	0.0000		
	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse			ř
		0.0000	•	
	Nebenniere		•	•
		0.0185		•
45	Placenta			, *
43	Prostata Sinnesorgane			
	Dimesorgane	0.0000		
50			STRAHIERTE BIE	BLIOTHEKEN
50	Denct	%Haeufigkeit 0.0340	•	•
	Brust t			
	Dickdarm t			
	Eierstock n			
55	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0017		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0000		•
UU	Haut-Muskel Hoden n	0.0065 0.0000		
	Hoden t	0.0000		
	Lunge n	0.0098		
	Lunge_t	0.0000	•	
65	Nerven	0.0020		
	Niere_t	0.0000		
	<del>-</del> .	0.0000	•	•
	Prostata_n Sinnesorgane	0.0061 0.0000	•	
70	Weisse Blutkoerperchen			·.

```
Verhaeltnisse
                                   NORMAL
                                                 TUMOR
                                                                N/T T/N
undef 0.0000
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
 5
                        B_Lymphom 0.0100
                                                  0.0000
                                                 0.0117
                                                                2.3233 0.4304
                            Blase 0.0273
                                                                1.5208 0.6576
                            Brust 0.0150
                                                  0.0098
                         Dickdarm 0.0077
                                                  0.0028
                                                                2.6911 0.3716
                                                                undef 0.0000
3.7330 0.2679
                        Duenndarm 0.0110
                                                  0.0000
10
                        Eierstock . 0.0089
                                                  0.0024
                                                                0.3018 3.3136
               Endokrines_Gewebe 0.0016
                                                  0.0053
                           Gehirn 0.0069
                                                                0.6963 1.4361
                                                  0.0100
                             Haut 0.0037
                                                                undef 0.0000
                                                  0.0000
                                                                0.0000 undef
0.5907 1.6929
                        Hepatisch 0.0000
                                                  0.0190
15
                             Herz 0.0081
                                                  0.0137
                                                                undef 0.0000
                            Hoden 0.0040
                                                  0.0000
                                                                0.6139 1.6289
                            Lunge 0.0068
                                                  0.0111
                                                                0.5668 1.7644
              Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                 0.0128
                  Muskel-Skelett 0.0086
                                                  0.0037
                                                                2.3194 0.4311
                                                                undef 0.0000
0.8975 1.1142
                         Niere 0.0112
Pankreas 0.0050
20
                                                  0.0000
                                                  0.0055
                                                                0.8348 1.1978
                         Prostata 0.0141
                                                  0.0169
                        T_Lymphom 0.0202
                                                  0.0075
                                                                2.7049 0.3697
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
                           Uterus 0.0177
                                                                undef 0.0000
25
         Weisse Blutkoerperchen 0.0096
                                                  0.0000
                 Haematopoetisch 0.0187
                            Penis 0.0080
                      Samenblase 0.0281
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0056
35
                           Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0157
                             Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0071
40
                            Lunge 0.0145
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0062
                         Placenta 0.0000
45.
                         Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0068
                         Brust_t 0.0000
                     Dickdarm_t 0.0000
Eierstock_n 0.0000
Eierstock_t 0.0000
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0046
                Gastrointestinal 0.0122
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                      Haut-Muskel 0.0000
                          {\tt Hoden\_n~0.0000}
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge_n 0.0098
                          Lunge_t 0.0000
Nerven 0.0010
65
                          Niere t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0023
                       Prostata n 0.0121
                     Sinnesorgane 0.0155
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
70
```

```
NORMAI.
                                                TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                                              N/T T/N undef 0.0000
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
 5
                       B_Lymphom 0.0050
                                                0.0000
                           Blase 0.0078
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                                                0.0112
                                                              0.1566 6.3876
                           Brust 0.0018
                                                              1.0092 0.9909
                        Dickdarm 0.0057
                                                0.0057
                       Duenndarm 0.0027
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
10
                       Eierstock 0.0059
                                                0.0143
                                                              0.4148 2.4109
               Endokrines_Gewebe 0.0032
                                                0.0053
                                                              0.6036 1.6568
                                                              0.4835 2.0680
                          Gehirn 0.0029
                                                0.0060
                                                              undef undef undef 0.0000
                            Haut 0.0000
                                                0.0000
                       Hepatisch 0.0093
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
undef undef
15
                            Herz 0.0051
                                                0.0000
                           Hoden 0.0000
                                                0.0000
                           Lunge 0.0039
                                                0.0037
                                                              1.0524 0.9502
                                                              undef 0.0000
0.4639 2.1557
             Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0017
                                                0.0037
20
                           Niere 0.0112
                                                0.0048
                                                              2.3212 0.4308
                                                0.0055
                                                              1.7949 0.5571
                        Pankreas 0.0099
                                                0.0065
                                                              1.0129 0.9872
                        Prostata 0.0066
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                       T_Lymphom 0.0025
                          Uterus 0.0000
                                                0.0000
                                                              undef undef
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0034
                                                              undef 0.0000
25
                                                0.0000
                 Haematopoetisch 0.0053
                           Penis 0.0080
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
              Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0056
35
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0260
               Herz-Blutgefaesse 0.0107
                           Lunge 0.0000
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                         Placenta 0.0061
                        Prostata 0.0000
45
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
                         Brust_t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock n 0.0000
                     Eierstock t 0.0000
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0000
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0000
                         Hoden_n 0.0000
                         Hoden_t 0.0000
Lunge_n 0.0098
                          Lunge t 0.0000
65
                          Nerven 0.0030
                         Niere t 0.0000
                     Ovar_Uterus 0.0000
                       Prostata_n 0.0243
                    Sinnesorgane 0.0000
70
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

66

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                               Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5
                       B_Lymphom 0.0075
                                                               0.5519 1.8120
                                                 0.0136
                            Blase 0.0078
                                                 0.0023
                                                               3.3190 0.3013
                        Brust 0.0053
Dickdarm 0.0057
                                                 0.0056
                                                               0.9393 1.0646
                                                               undef 0.0000
undef 0.0000
                                                 0.0000
                       Duenndarm 0.0027
                                                 0.0000
10
                       Eierstock 0.0059
                                                 0.0072
                                                               0.8296 1.2055
               Endokrines_Gewebe 0.0177
                                                               9.9589 0.1004
                                                 0.0018
                          Gehirn 0.0075
Haut 0.0000
                                                               1.5087 0.6628
                                                 0.0050
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                       Hepatisch 0.0000
                                                               0.0000 undef
                                                 0.0127
                                                               undef 0.0000
undef 0.0000
15
                            Herz 0.0061
                                                 0.0000
                            Hoden 0.0161
                                                 0.0000
                            Lunge 0.0088
                                                 0.0111
                                                               0.7893 1.2669
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                               0.0000 undef
                                                 0:0064
                  Muskel-Skelett 0.0034
                                                               0.4639 2.1557
                                                 0.0074
20
                           Niere 0.0090
                                                 0.0048
                                                               1.8570 0.5385
                         Pankreas 0.0099
                                                 0.0055
                                                               1.7949 0.5571
                        Prostata 0.0113
                                                 0.0013
                                                               8.6822 0.1152
                       T_Lymphom 0.0025
                                                 0.0075
                                                               0.3381 2.9576
                          Uterus 0.0059
                                                 0.0046
                                                               1.2851 0.7781
25
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0034
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0053
                           Penis 0.0080
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                   %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0111
35
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0039
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                          Lunge 0.0000
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                         Placenta 0.0182
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0068
                         Brust t 0.0000
                     Dickdarm_t 0.0000
Eierstock_n 0.0000
55
                     Eierstock_t 0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0127
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0032
                         Hoden_n 0.0167
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge_n 0.0000
                          Lunge_t 0.0000
65
                          Nerven 0.0040
                         Niere t 0.0000
                     Ovar Uterus 0.0180
                      Prostata n 0.0061
                    Sinnesorgane 0.0000
70
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
TUMOR
                                                                    Verhaeltnisse
                                     NORMAL
                                     %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                                    undef undef
 5
                         B Lymphom 0.0000
                                                    0.0000
                                                                    0.0000 undef
                              Blase 0.0000
                                                    0.0023
                              Brust 0.0053
                                                    0.0056
                                                                    0.9393 1.0646
                                                                   undef 0.0000
undef undef
                                                    0.0000
                          Dickdarm 0.0057
                                                    0.0000
                         Duenndarm 0.0000
                                                                    undef undef
10
                         Eierstock 0.0000
                                                    0.0000
                Endokrines_Gewebe 0.0016
                                                    0.0053
                                                                    0.3018 3.3136
                                                                    1.7408 0.5745
                            Gehirn 0.0035
                                                    0.0020
                                                                   undef undef
undef 0.0000
undef 0.0000
                                                    0.0000
                              Haut 0.0000
                         Hepatisch 0.0046
                                                    0.0000
                              Herz 0.0010
15
                                                    0.0000
                                                                   0.0000 undef
undef 0.0000
                              Hoden 0.0000
                                                    0.0059
                              Lunge 0.0019
                                                    0.0000
                                                                   undef undef
undef 0.0000
0.9285 1.0770
               Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                    0.0000
                                                    0.0000
                   Muskel-Skelett 0.0017
20
                              Niere 0.0045
                                                    0.0048
                          Pankreas 0.0033
                                                    0.0000
                                                                    undef 0.0000
                         Prostata 0.0038
T_Lymphom 0.0000
Uterus 0.0059
                                                                   undef 0.0000
undef undef
                                                    0.0000
                                                    0.0000
                                                    0.0046
                                                                    1.2851 0.7781
25
          Weisse Blutkoerperchen 0.0027
                                                    0.0000
                                                                    undef 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                             Penis 0.0080
                        Samenblase 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0118
30
                                     FOETUS
                                     %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
                Gastrointenstinal 0.0000
35
                            Gehirn 0.0125
                  Haematopoetisch 0.0000
                              Haut 0.0000
                         Hepatisch 0.0000
                Herz-Blutgefaesse 0.0036
                              Lunge 0.0036
                        Nebenniere 0.0000
                              Niere 0.0062
                           Placenta 0.0000
                          Prostata 0.0000
45
                      Sinnesorgane 0.0000
                                     NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                     %Haeufigkeit
                              Brust 0.0000
                        Brust_t 0.0000
Dickdarm_t 0.0000
                Eierstock n 0.1595
Eierstock t 0.0000
Endokrines Gewebe 0.0000
55
                            Foetal 0.0046
                 Gastrointestinal 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
Haut-Muskel 0.0097
60
                            Hoden_n 0.0000
                            Hoden t 0.0000
                            Lunge_n 0.0000
                            Lunge_t 0.0000
65
                            Nerven 0.0070
                       Niere_t 0.0000
Ovar_Uterus 0.0023
                        Prostata n 0.0182
                      Sinnesorgane 0.0077
70
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                    T/N
5
                       B_Lymphom 0.0038
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                           Blase 0.0000
                                                              0.0000 undef
                                                0.0094
                           Brust 0.0025
                                                0.0089
                                                              0.2799 3.5727
                        Dickdarm 0.0057
                                                              0.2523 3.9638
                                                0.0228
                       Duenndarm 0.0082
                                                              undef 0.0000
                                                0.0000
                                                              0.6222 1.6073
10
                       Eierstock 0.0059
                                                0.0095
              Endokrines Gewebe 0.0096
                                                0.0033
                                                              2.9275 0.3416
                          Gehirn 0.0134
                                                0.0050
                                                              2.6904 0.3717
                                                              undef 0.0000
1.4649 0.6826
                            Haut 0.0037
                                                0.0000
                       Hepatisch 0.0093
                                                0.0063
15
                            Herz 0.0081
                                                0.0137
                                                              0.5907 1.6928
                                                              undef 0.0000
1.3158 0.7600
                           Hoden 0.0161
                                                0.0000
                           Lunge 0.0049
                                                0.0037
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                0.0165
                                                              0.0000 undef
                 Muskel-Skelett 0.0000
Niere 0.0112
                                                0.0074
                                                              0.0000 undef
                                                              undef 0,0000
                                                0.0000
20
                                                              0.3604 2.7748
                        Pankreas 0.0033
                                                0.0092
                        Prostata 0.0113
                                                              1.4470 0.6911
                                                0.0078
                       T_Lymphom 0.0033
                                                              0.1901 5.2613
                                                0.0173
                          Uterus 0.0118
                                                0.0046
                                                              2.5702 0.3891
25
         Weisse Blutkoerperchen 0.0023
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                Haematopoetisch 0.0047
                           Penis 0.0027
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0118
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0278
35
              Gastrointenstinal 0.0111
                          Gehirn 0.0000
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0036
40
                           Lunge 0.0108
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                        Placenta 0.0000
                        Prostata 0.0000
45
                    Sinnesorgane 0.0126
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                  %Haeufigkeit
                          Brust 0.0068
50
                         Brust t 0.0000
                     Dickdarm t 0.0125
Eierstock t 0.0379
              Endokrines_Gewebe 0.0000
55
                          Foetal 0.0066
               Gastrointestinal 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0090
                         Hoden n 0.0169
60
                         Hoden_t 0.0228
                         Lunge_n 0.0000
                         Lunge t 0.0000
                          Nerven 0.0191
                         Niere_t 0.0495
65
                     Ovar Uterus 0.0325
                      Prostata n 0.0182
```

Sinnesorgane 0.0077

```
NORMAL
                                                . TUMOR
                                                                Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5
                        B Lymphom 0.0025
                                                                undef 0.0000
                                                  0.0000
                                                                0.0000 undef
                            Blase 0.0000
                                                  0.0094
                                                                1.2524 0.7985
                            Brust 0.0070
                                                  0.0056
                                                                undef 0.0000
undef 0.0000
                        Dickdarm 0.0057
                                                  0.0000
                        Duenndarm 0.0055
                                                 0.0000
10
               Eierstock 0.0148
Endokrines Gewebe 0.0016
                                                 0.0048
                                                                3.1108 0.3215
                                                 0.0018
                                                                0.9054 1.1045
                           Gehirn 0.0064
                                                 0.0060
                                                                1.0638 0.9400
                       Haut 0.0110
Hepatisch 0.0000
                                                 0.0000
                                                                undef 0.0000
                                                 0.0127
                                                                0.0000 undef
15
                            Herz 0.0030
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
                            Hoden 0.0080
                                                 0.0118
                                                                0.6786 1.4737
                            Lunge 0.0019
                                                 0.0074
                                                                0.2631 3.8007
              Magen-Speiseroehre 0.0145
                                                               undef 0.0000
undef 0.0000
undef 0.0000
                                                 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0034
                                                 0.0000
20
                            Niere 0.0045
                                                 0.0000
                         Pankreas 0.0017
                                                 0.0000
                                                                undef 0.0000
                        Prostata 0.0057
                                                 0.0026
                                                                2.1706 0.4607
                       T_Lymphom 0.0025
Uterus 0.0015
                                                 0.0000
                                                                undef 0.0000
                                                 0.0046
                                                                0.3213 3.1125
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0048
25
                                                 0.0000
                                                                undef 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0067
                           Penis 0.0027
                       Samenblase 0.0070
                    Sinnesorgane 0.0118
30
                                   FOETUS
                                   *Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0111
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0039
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
Lunge 0.0072
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                         Placenta 0.0121
45
                        Prostata 0.0249
                    Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                           Brust 0.0136
                          Brust_t 0.0000
                     Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0000
55
               Endokrines_Gewebe 0.0245
                           Foetal 0.0017
                Gastrointestinal 0.0122
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0032
                          Hoden_n 0.0042
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge_n 0.0098
                          Lunge t 0.0000
65
                           Nerven 0.0060
                          Niere_t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0023
                      Prostata n 0.0182
                    Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL.
                                                     TUMOR
                                                                    Verhaeltnisse
                                                                    N/T T/N undef undef
                                      %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
 5
                          B Lymphom 0.0000
                                                     0.0000
                              Blase 0.0039
                                                     0.0023
                                                                    1.6595 0.6026
                                                                    undef 0.0000
0.6728 1.4864
                              Brust 0.0018
                                                     0.0000
                           Dickdarm 0.0019
                                                     0.0028
                          Duenndarm 0.0027
                                                     0.0000
                                                                    undef 0.0000
                                                                    undef undef
undef 0.0000
10
                         Eierstock 0.0000
                                                     0.0000
                Endokrines_Gewebe 0.0016
                                                     0:0000
                             Gehirn 0.0000
                                                                    0.0000 undef
                                                     0.0020
                         Haut 0.0000
Hepatisch 0.0000
                                                                    undef undef
undef undef
                                                     0.0000
                                                     0.0000
15
                               Herz 0.0000
                                                     0.0000
                                                                    undef undef
                              Hoden 0.0000
                                                     0.0059
                                                                    0.0000 undef
                              Lunge 0.0010
                                                     0.0018
                                                                    0:5262 1.9004
               Magen-Speiseroehre 0.0000
Muskel-Skelett 0.0017
                                                                    undef undef
                                                     0.0000
                                                     0.0037
                                                                    0.4639 2.1557
20
                              Niere 0.0000
                                                     0.0000
                                                                    undef undef
                          Pankreas 0.0017
Prostata 0.0038
                                                                    undef 0.0000
undef 0.0000
                                                     0.0000
                                                     0.0000
                         T_Lymphom 0.0000
                                                     0.0000
                                                                    undef undef
                             Uterus 0.0000
                                                     0.0000
                                                                    undef undef
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0007
                                                                    undef 0.0000
25
                                                     0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
                             Penis 0.0027
                        Samenblase 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0000
30
                                      FOETUS
                                     %Haeufigkeit
                       Entwicklung 0.0000
35
                Gastrointenstinal 0.0000
                            Gehirn 0.0000
                  Haematopoetisch 0.0000
Haut 0.0000
                         Hepatisch 0.0000
40
                Herz-Blutgefaesse 0.0000
                             Lunge 0.0036
                        Nebenniere 0.0000
                             Niere 0.0000
                           Placenta 0.0000
45
                           Prostata 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0000
                                     NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                      %Haeufigkeit
                              Brust 0.0000
                            Brust_t 0.0000
                        Dickdarm t 0.0000
                       Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0000
55
                Endokrines_Gewebe 0.0000
Foetal 0.0035
                 Gastrointestinal 0.0122
                  Haematopoetisch 0.0000
Haut-Muskel 0.0000
60
                            Hoden_n 0.0000
                            Hoden_t 0.0000
Lunge_n 0.0000
                            Lunge t 0.0000
65
                             Nerven 0.0000
                            Niere_t 0.0000
                       Ovar Uterus 0.0000
                        Prostata n 0.0121
                      Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                       B_Lymphom 0.0050
                                                              0.3679 2.7181
 5
                                                0.0136
                           Blase 0.0000
                                                              0.0000 \; undef \, ^{\circ}
                                                0.0023
                           Brust 0.0053
                                                0.0042
                                                              1.2524 0.7985
                        Dickdarm 0.0038
                                               0.0057
                                                              0.6728 1.4864
                                                              undef 0.0000
2.0739 0.4822
                       Duenndarm 0.0055
                                                0.0000
10
                       Eierstock 0.0148
                                                0.0072
               Endokrines Gewebe 0.0080
                                                0.0106
                                                              0.7545 1.3254
                          Gehirn 0.0046
                                                              0.7737 1.2925
                                                0.0060
                            Haut 0.0000
                                                              undef undef
                                                0.0000
                       Hepatisch 0.0093
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                                                              undef 0.0000
undef 0.0000
15
                            Herz 0.0041
                                                0.0000
                           Hoden 0.0120
                                                0.0000
                                                              0.5262 1.9004
                           Lunge 0.0010
                                                0.0018
                                                              undef undef 0.4639 2.1557
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0086
                                                0.0185
                                                              0.4642 2.1540
20
                           Niere 0:0022
                                                0.0048
                        Pankreas 0.0017
                                                              undef 0.0000
                                                0.0000
                        Prostata 0.0019
                                                0.0013
                                                              1.4470 0.6911
                       T_Lymphom 0.0000
                                                0.0075
                                                              0.0000 undef
                          Uterus 0.0015
                                                0.0230
                                                              0.0643 15.5627
25
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0014
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0027
                           Penis 0.0027
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
               Gastrointenstinal 0.0139
35
                          Gehirn 0.0188
                 Haematopoetisch 0.0000
                           Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                           Lunge 0.0000
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0062
                        Placenta 0.0061
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0126
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
                         Brust_t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
55
                     Eierstock_t 0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0151
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0130
                         Hoden_n 0.0376
                         Hoden_t 0.0000
                         Lunge_n 0.0098
                         Lunge_t 0.0000
65
                          Nerven 0.0100
                         Niere_t 0.0000
                     Ovar Uterus 0.0045
                      Prostata n 0.0182
                    Sinnesorgane 0.0310
70
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                               Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                     T/N
 5
                                                 0.0136
                                                               0.0000 undef
                       B_Lymphom 0.0000
                            Blase 0.0117
                                                 0.0047
                                                               2.4892 0.4017
                            Brust 0.0053
                                                 0.0028
                                                               1.8786 0.5323
                        Dickdarm 0.0038
                                                               undef 0.0000
                                                 0.0000
                       Duenndarm 0.0110
                                                               0.5153 1.9406
                                                 0.0213
10
                       Eierstock 0.0030
                                                 0.0072
                                                               0.4148 2.4109
               Endokrines_Gewebe 0.0064
                                                               1.2071 0.8284
                                                 0.0053
                          Gehirn 0.0064
Haut 0.0110
                                                 0.0140
                                                               0.4559 2.1934
                                                               undef 0.0000
                                                 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
                                                 0.0254
                                                               0.0000 undef
15
                            Herz 0.0000
                                                 0.0137
                                                               0.0000 undef
                            Hoden 0.0000
                                                               0.0000 undef
                                                 0.0059
                                                               1.2278 0.8144
                            Lunge 0.0068
                                                 0.0055
                                                               undef undef
undef undef
0.6964 1.4360
undef 0.0000
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0000
                                                 0.0000
20
                            Niere 0.0067
                                                 0.0096
                        Pankreas 0.0017
                                                 0.0000
                                                               2.6529 0.3769
                        Prostata 0.0104
                                                 0.0039
                       T_Lymphom 0.0025
Uterus 0.0044
                                                0.0075
                                                               0.3381 2.9576
                                                               undef 0.0000
undef 0.0000
                                                0.0000
25
         Weisse Blutkoerperchen 0.0027
                                                 0.0000
               Haematopoetisch 0.0013
                           Penis 0.0080
                      Samenblase 0.0070
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0418
35
               Gastrointenstinal 0.0000
                          Gehirn 0.0125
                 Haematopoetisch 0.0039
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0071
                           Lunge 0.0000
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere .0.0062
                         Placenta 0.0000
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                         Brust t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock n 0.0000
55
                     Eierstock_t 0.0051
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0017
                Gastrointestinal 0.0244
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0000
                         Hoden_n 0.0000
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge n 0.0098
                          Lunge_t 0.0000
65
                          Nerven 0.0030
                         Niere t 0.0000
                     Ovar_Uterus 0.0023
                      Prostata n 0.0061
                    Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                               Verhaeltnisse
                                                                    T/N
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                               0.7358 1.3590
 5.
                       B Lymphom 0.0100
                                                 0.0136
                            Blase 0.0117
                                                 0.0094
                                                               1.2446 0.8035
                            Brust 0.0150
                                                               2.6614 0.3757
                                                0.0056
                                                               0.1922 5.2023
undef 0.0000
                        Dickdarm 0.0038
                                                 0.0199
                        Duenndarm 0.0110
                                                 0.0000
10
                       Eierstock 0.0119
                                                 0.0215
                                                               0.5530 1.8082
               Endokrines_Gewebe 0.0048
                                                               0.9054 1.1045
                                                 0.0053
                                                               1.1605 0.8617
undef 0.0000
                          Gehirn 0.0046
                                                 0.0040
                             Haut 0.0037
                                                 0.0000
                        Hepatisch 0.0046
                                                               0.2441 4.0959
                                                 0.0190
15
                            Herz 0.0142
                                                               1.0337 0.9674
                                                 0.0137
                            Hoden 0.0080
                                                 0.0118
                                                               0.6786 1.4737
                            Lunge 0.0078
                                                 0.0092
                                                               0.8419 1.1877
                                                 0.0064
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                               0.0000 undef
                                                               0.4639 2.1557
                  Muskel-Skelett 0.0034
                                                 0.0074
20
                            Niere 0.0067
                                                0.0096
                                                               0.6964 1.4360
                                                               undef 0.0000
3.1353 0.3190
                         Pankreas 0.0066
                                                 0.0000
                                                 0.0039
                         Prostata 0.0123
                                                               0.4508 2.2182
                        T_Lymphom 0.0101
                                                 0.0224
                           Uterus 0.0044
                                                .0.0046
                                                               0.9638 1.0375
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0062
                                                               undef 0.0000
25 .
                                                 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0134
                            Penis 0.0134
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0118
30
                                   FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0139
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0157
                            Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0:0107
                            Lunge 0.0181
                      Nebenniere 0.0254
                            Niere 0.0000
                         Placenta 0.0121
45
                         Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                          Brust_t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
Eierstock_t 0.0152
55
               Endokrines_Gewebe 0.0245
                           Foetal 0.0087
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                      Haut-Muskel 0.0065
                          Hoden_n 0.0376
                          Hoden_t 0.0000
Lunge_n 0.0293
                          Lunge t 0.0000
65
                          Nerven 0.0100
                          Niere t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0338
                       Prostata n 0.0061
                     Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                               Verhaeltnisse
                                                               N/T T/N
undef 0.0000
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
5
                       B Lymphom 0.0050
                                                 0.0000
                                                               0.6638 1.5065
                            Blase 0.0078
                                                 0.0117
                            Brust 0.0088
                                                               0.5693 1.7566
                                                 0.0155
                         Dickdarm 0.0211
                                                 0.0028
                                                               7.4006 0.1351
                       Duenndarm 0.0027
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
10
                       Eierstock 0.0119
                                                               4.9773 0.2009
                                                 0.0024
               Endokrines Gewebe 0.0032
                                                 0.0142
                                                               0.2263 4.4181
                          Gehirn 0.0035
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
                                                               undef 0.0000
undef 0.0000
                             Haut 0.0257
                                                 0.0000
                       Hepatisch 0.0279
                                                 0.0000
15
                            Herz 0.0071
                                                 0.0137
                                                               0.5169 1.9347
                                                               undef 0.0000
1.9733 0.5068
                            Hoden 0.0040
                                                 0.0000
                            Lunge 0.0292
                                                 0.0148
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                 0.0064
                                                               0.0000 undef
                                                               undef 0.0000
undef 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0017
                                                 0.0000
20
                            Niere 0.0269
                                                 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
                        Pankreas 0.0165
                        Prostata 0.0141
                                                 0.0052
                                                               2.7132 0.3686
                       T_Lymphom 0.0000
                                                               undef undef
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
undef undef
                          Uterus 0.0044
                                                 0.0000
25
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
                                                 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0040
                           Penis 0:0000
                      Samenblase 0.0070
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0056
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0039
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0036
                            Lunge 0.0145
                      Nebenniere 0.0254
                           Niere 0.0000
                         Placenta 0.0000
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                   %Haeufigkeit
50
                            Brust 0.0000
                          Brust_t 0.0000
                      Dickdarm t 0.0000
                     Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0000
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                Foetal 0.0058
Gastrointestinal 0.0244
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0130
                         Hoden_n 0.0000
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge_n 0.0293
                          Lunge t 0.0000
65
                          Nerven 0.0020
                         Niere_t 0.0000
                     Ovar Uterus 0.0068
                      Prostata_n 0.0243
                    Sinnesorgane 0.0000
70
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL.
                                                   TUMOR
                                                                 Verhaeltnisse
                                                                 N/T T/N
undef 0.0000
                                    %Haeufigkeit
                                                   %Haeufigkeit N/T
  5
                         B Lymphom 0.0025
                                                   0.0000
                             Blase 0.0000
                                                                 0.0000 undef
                                                   0.0094
                             Brust 0.0035
                                                   0.0056
                                                                 0.6262 1.5969
                                                                 undef 0.0000
undef 0.0000
undef 0.0000
                          Dickdarm 0.0038
                                                   0.0000
                         Duenndarm 0.0027
                                                   0.0000
 10
                         Eierstock 0.0059
                                                   0.0000
                Endokrines_Gewebe 0.0048
                                                   0.0018
                                                                 2.7161 0.3682
                            Gehirn 0.0035
                                                   0.0010
                                                                 3.4816 0.2872
                              Haut 0.0000
                                                                 undef undef
                                                   0.0000
                                                                 0.0000 undef
undef 0.0000
undef 0.0000
                         Hepatisch 0.0000
                                                   0.0063
 15
                              Herz 0.0020
                                                   0.0000
                             Hoden 0.0040
                                                   0.0000
                                                                 undef 0.0000
undef 0.0000
                             Lunge 0.0049
                                                   0.0000
               Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                   0.0000
                   Muskel-Skelett 0.0017
                                                   0.0037
                                                                 0.4639 2.1557
                                                                 undef 0.0000
undef 0.0000
 20
                             Niere 0.0022
                                                   0.0000
                          Pankreas 0.0017
                                                   0.0000
                                                                 undef 0.0000
undef 0.0000
                          Prostata 0.0038
                                                   0.0000
                         T_Lymphom 0.0126
                                                   0.0000
                                                                 1.6064 0.6225
                            Uterus 0.0074
                                                   0.0046
                                                                 0.1803 5.5448
 25
           Weisse Blutkoerperchen 0.0055
                                                   0.0304
                  Haematopoetisch 0.0013
                             Penis 0.0000
                        Samenblase 0.0141
                      Sinnesorgane 0.0000
 30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
                       Entwicklung 0.0139
 35
                Gastrointenstinal 0.0139
                            Gehirn 0.0063
                  Haematopoetisch 0.0039
                              Haut 0.0000
                         Hepatisch 0.0000
 40
                Herz-Blutgefaesse 0.0000
                             Lunge 0.0036
                        Nebenniere 0.0000
                             Niere 0.0124
                          Placenta 0.0061
 45
                          Prostata 0.0000
                      Sinnesorgane 0.0000
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
 50
                                    %Haeufigkeit
                             Brust 0.0000
                           Brust_t 0.0000
                        Dickdarm_t 0.0000
                       Eierstock n 0.0000
                Eierstock t 0.0253
Endokrines Gewebe 0.0000
 55
                            Foetal 0.0029
                 Gastrointestinal 0.0122
                  Haematopoetisch 0.0000
 60
                       Haut-Muskel 0.0000
                           Hoden n 0.0042
                           Hoden_t 0.0000
                           Lunge_n 0.0000
                           Lunge_t 0.0000
 65
                            Nerven 0.0090
                           Niere_t 0.0000
                       Ovar Uterus 0.0113
                        Prostata n 0.0061
                      Sinnesorgane 0.0000
. 70
           Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

TUMOR

Verhaeltnisse

### Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 235

NORMAL

```
%Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
5
                       B Lymphom 0.0000
                                                              0.0000 undef
                                                0.0136
                                                              undef undef
0.0000 undef
                                                0.0000
                           Blase 0.0000
                           Brust 0.0000
                                                0.0014
                        Dickdarm 0.0000
                                                0.0000
                                                              undef undef
                       Duenndarm 0.0000
                                                0.0107
                                                              0.0000 undef
                                                              1.2443 0.8036
                       Eierstock 0.0059
10
                                                0.0048
               Endokrines_Gewebe 0.0016
                                                0.0053
                                                              0.3018 3.3136
                          Gehirn 0.0006
                                                              0.1934 5.1701
                                                0.0030
                            Haut 0.0037
                                                              undef 0.0000
                                                0.0000
                       Hepatisch 0.0000
                                                0.0000
                                                              undef undef
15
                            Herz 0.0010
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                           Hoden 0.0080
                                                              undef 0.0000
                                                0.0000
                                                0.0000
                           Lunge 0.0019
                                                              undef 0.0000
                                                              undef undef
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                0.0000
                 Muskel-Skelett 0.0000
                                                0.0000
                                                              undef undef
                                                              undef undef
undef undef
                                                0.0000
20
                           Niere 0.0000
                        Pankreas 0.0000
                                                0.0000
                                                              undef .0.0000
                        Prostata 0.0038
                                                0.0000
                       T_Lymphom 0.0000
                                                              undef undef
                                                0.0000
                                                              0.0000 undef
                          Uterus 0.0000
                                                0.0046
                                                              undef 0.0000
25
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0007
                                                0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                           Penis 0.0027
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0000
35
                          Gehirn 0.0063
                 Haematopoetisch 0.0000
                           Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
                           Lunge 0.0072
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0062
                        Placenta 0.0000
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
                         Brust t 0.0000
                     Dickdarm t 0.0000
Eierstock n 0.0000
55 .
                     Eierstock_t 0.0000
               Endokrines Gewebe 0.0000
Foetal 0.0017
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                     Haut-Muskel 0.0000
                         Hoden n 0.0042
Hoden t 0.0000
                         Lunge n 0.0195
                         Lunge_t 0.0000
65
                          Nerven 0.0010
                         Niere t 0.0000
                     Ovar_Uterus 0.0023
                      Prostata_n 0.0182
```

Sinnesorgane 0.0000

Weisse Blutkoerperchen 0.0000

```
NORMAL
                                                  TUMOR
                                                                 Verhaeltnisse
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                        T/N
                                                                 undef 0.0000
 •5
                        B_Lymphom 0.0100
                                                  0.0000
                            Blase 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 undef undef
                             Brust 0.0194
                                                  0.0084
                                                                 2.2961 0.4355
                                                                 undef 0.0000
undef 0.0000
                         Dickdarm 0.0096
                                                  0.0000
                        Duenndarm 0.0055
                                                  0.0000
10
                        Eierstock 0.0059
                                                  0.0024
                                                                 2.4887 0.4018
               Endokrines_Gewebe 0.0128
                                                                 2.4143 0.4142
                                                  0.0053
                           Gehirn 0.0041
                                                  0.0070
                                                                 0.5803 1.7234
                             Haut 0.0037
                                                  0.0000
                                                                 undef 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 undef undef
                                                  0.0000
                                                                 undef 0.0000
undef undef
15
                             Herz 0.0051
                            Hoden 0.0000
                                                  0.0000
              Lunge 0.0058
Magen-Speiseroehre 0.0000
Muskel-Skelett 0.0051
                                                  0.0092
                                                                 0.6315 1.5836
                                                                 undef undef
1.3917 0.7186
                                                  0.0000
                                                  0.0037
                                                                 undef 0.0000 undef 0.0000
20
                            Niere 0.0090
                                                  0.0000
                         Pankreas 0.0050
                                                  0.0000
                                                                 2.6529 0.3769
                         Prostata 0.0104
                                                  0.0039
                                                  0.0075
                        T_Lymphom 0.0025
                                                                 0.3381 2.9576
                                                                 undef 0.0000
                           Uterus 0.0118
                                                  0.0000
25
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0089
                                                  0.0000
                                                                 undef 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0134
                            Penis 0.0080
                       Samenblase 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0056
35
                           Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0118
                             Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0036
                            Lunge 0.0000
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0000
                         Placenta 0.0242
45
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
                                    NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                    %Haeufigkeit
                            Brust 0.0204
                          Brust t 0.0000
                       Dickdarm_t 0.0000
                      Eierstock_n 0.0000
55
                      Eierstock t 0.0000
               Endokrines Gewebe 0.0000
Foetal 0.0093
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                      Haut-Muskel 0.0065
60
                          Hoden n 0.0000
                           Hoden_t 0.0000
Lunge_n 0.0000
                           Lunge_t 0.0000
65
                           Nerven 0.0060
                          Niere t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0045
                       Prostata n 0.0182
                     Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                             N/T T/N undef 0.0000
 5
                       B_Lymphom 0.0025
                                               0.0000
                                                             0.0000 undef
                           Blase 0.0000
                                               0.0023
                           Brust 0.0176
                                               0.0070
                                                             2.5048 0.3992
                        Dickdarm 0.0077
                                               0.0057
                                                             1.3456 0.7432
                       Duenndarm 0.0055
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
10
                       Eierstock 0.0030
                                               0.0072
                                                             0.4148 2.4109
              Endokrines_Gewebe 0.0032
                                                             0.9054 1.1045
                                               0.0035
                                               0.0010
                          Gehirn 0.0069
                                                             6.9631 0.1436
                            Haut 0.0037
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
                                               0.0000
                                                             undef undef
                                                             0.4430 2.2572
15
                            Herz 0.0061
                                               0.0137
                           Hoden 0.0080
                                                             undef 0.0000
                                               0.0000
                           Lunge 0.0029
                                               0.0037
                                                             0.7893 1.2669
             Magen-Speiseroehre 0.0072
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0000
                                                             0.0000 undef
                                               0.0037
20
                                               0.0048
                                                             2.7855 0.3590
                           Niere 0.0134
                        Pankreas 0.0017
                                               0.0055
                                                             0.2992 3.3427
                        Prostata 0.0085
                                                             3.2558 0.3071
                                               0.0026
                                                             undef 0.0000
undef 0.0000
                       T_Lymphom 0.0025
                                               0.0000
                          Uterus 0.0074
                                               0.0000
                                                             undef 0.0000
25
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0027
                                                0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                           Penis 0.0054
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0118
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
              Gastrointenstinal 0.0056
                          Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0079
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0520
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0036
                           Lunge 0.0072
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0062
                        Placenta 0.0000
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
                         Brust_t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
55
                     Eierstock t 0.0253
              Endokrines Gewebe 0.0000
Foetal 0.0041
                Gastrointestinal 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0097
60
                         Hoden_n 0.0084
                         Hoden t 0.0000
                         Lunge_n 0.0000
                         Lunge_t 0.0000
65 ·
                          Nerven 0.0070
                         Niere t 0.0000
                     Ovar_Uterus 0.0203
                      Prostata_n 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
70
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                  TUMOR
                                                                Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
 5
                        B Lymphom 0.0075
                                                                0.0000 undef
                            Blase 0.0000
                                                  0.0047
                             Brust 0.0009
                                                  0.0014
                                                                0.6262 1.5969
                         Dickdarm 0.0019
                                                                0.6728 1.4864
                                                  0.0028
                        Duenndarm 0.0000
                                                                undef undef
6.2217 0.1607
                                                  0.0000
10
                        Eierstock 0.0148
                                                  0.0024
               Endokrines Gewebe 0.0016
                                                  0.0018
                                                                0.9054 1.1045
                                                                0.2901 3.4467
                           Gehirn 0.0017
                                                  0.0060
                             Haut 0.0037
                                                  0.0789
                                                                0.0466 21.4787
                                                                undef undef undef undef 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
                                                  0.0000
15
                             Herz 0.0051
                                                  0.0000
                             Hoden 0.0120
                                                                1.0178 0.9825
                                                  0.0118
                                                                1.5786 0.6335
                            Lunge 0.0029
                                                  0.0018
                                                                undef 0.0000
undef 0.0000
              Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                  0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0017
                                                  0.0000
                                                                undef undef
undef 0.0000
20
                            Niere 0.0000
                                                  0,0000
                         Pankreas 0.0017
                                                  0.0000
                         Prostata 0.0113
                                                  0.0026
                                                                4.3411 0.2304
                        T_Lymphom 0.0025
                                                                undef 0.0000
0.3213 3.1125
                                                  0.0000
                           Uterus 0.0030
                                                  0.0092
25
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0027
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0040
                            Penis 0.0027
                       Samenblase 0.0070
                     Sinnesorgane 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0000
Gastrointenstinal 0.0056
35
                           Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0157
                            Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                            Lunge 0.0036
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0000
                         Placenta 0.0000
45
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                          Brust t 0.0000
                      Dickdarm t 0.0000
Eierstock n 0.0000
55
                      Eierstock_t 0.0152
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0006
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                      Haut-Muskel 0.0000
60
                          Hoden_n 0.0042
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge_n 0.0000
                          Lunge t 0.0000
65
                           Nerven 0.0060
                          Niere t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0068
                       Prostata_n 0.0061
                     Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                  TUMOR
                                                                 Verhaeltnisse
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                                 undef 0.0000
 5
                                                  0.0000
                        B_Lymphom 0.0125
                            Blase 0.0156
Brust 0.0141
                                                  0.0094
                                                                 1.6595 0.6026
                                                  0.0225
                                                                 0.6262 1.5969
                         Dickdarm 0.0172
                                                                 2.0184 0.4955
                                                  0.0085
                        Duenndarm 0.0192
                                                                 0.9018 1.1089
                                                  0.0213
10
                        Eierstock 0.0237
                                                  0.0262
                                                                 0.9050 1.1050
               Endokrines_Gewebe 0.0144
                                                  0.0160
                                                                 0.9054 1.1045
                           Gehirn 0.0197
Haut 0.0184
                                                                 0.7307 1.3686
                                                  0.0269
                                                                 undef 0.0000
                                                  0.0000
                                                                 1.4649 0.6826
                        Hepatisch 0.0279
                                                  0.0190
15
                             Herz 0.0203
                                                  0.0275
                                                                 0.7384 1.3543
                            Hoden 0.0040
                                                  0.0059
                                                                 0.6786 1.4737
                            Lunge 0.0175
                                                                 1.0524 0.9502
                                                  0.0166
                                                                undef 0.0000
2.7833 0.3593
              Magen-Speiseroehre 0.0217
                                                  0.0000
                   Muskel-Skelett 0.0103
                                                  0.0037
                         Niere 0.0112
Pankreas 0.0116
20
                                                                 0.3869 2.5849
                                                  0.0289
                                                  0.0055
                                                                 2.0941 0.4775
                         Prostata 0.0141
                                                  0.0039
                                                                 3.6176 0.2764
                        T_Lymphom 0.0025
                                                                 0.3381 2.9576
                                                  0.0075
                           Uterus 0.0148
                                                                0.8032 1.2450
                                                  0.0184
25
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0068
                                                  0.0000
                                                                 undef 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0040
                           Penis 0.0134
                       Samenblase 0.0070
                     Sinnesorgane 0.0235
30
                                    FOETUS
                                   %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0000
Gastrointenstinal 0.0167
35
                           Gehirn 0.0125
                  Haematopoetisch 0.0157
                             Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0260
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0213
                            Lunge 0.0072
                       Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0062
                         Placenta 0.0061
45
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0126
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                          Brust t 0.0000
                      Dickdarm t 0.0000
Eierstock n 0.0000
55
                      Eierstock_t 0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0245
                Foetal 0.0168
Gastrointestinal 0.0122
                  Haematopoetisch 0.0000
                      Haut-Muskel 0.0227
                          Hoden_n 0.0125
Hoden_t 0.0000
                          Lunge_n 0.0098
                          Lunge_t 0.0000
Nerven 0.0261
65
                          Niere t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0068
                       Prostata n 0.0243
                     Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                              Verhaeltnisse
                                                              N/T T/N undef 0.0000
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
5
                       B Lymphom 0.0025
                                                0.0000
                           Blase 0.0000
                                                0.0023
                                                              0.0000 undef
                                                              2.5048 0.3992
                           Brust 0.0035
                                                0.0014
                                                              undef 0.0000
undef undef
                        Dickdarm 0.0019
                                                0.0000
                       Duenndarm 0.0000
                                                0.0000
                       Eierstock 0.0000
10
                                                              0.0000 undef
                                                0.0024
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                              undef undef
                                                0.0000
                                                              2.0309 0.4924
                          Gehirn 0.0041
                                                0.0020
                            Haut 0.0000
                                                             undef undef
undef undef
                                                0.0000
                       Hepatisch 0.0000
                                                0.0000
                                                              0.0738 13.5431
15
                            Herz 0.0010
                                                0.0137
                                                             undef undef
undef undef
                           Hoden 0.0000
                                                0.0000
                           Lunge 0.0000
                                                0.0000
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                              undef undef
                                                0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0034
                                                0.0037
                                                              0.9278 1.0778
20
                           Niere 0.0022
                                                              undef 0.0000
                                                0.0000
                                                0.0000
                        Pankreas 0.0000
                                                              undef undef
                        Prostata 0.0057
                                                0.0039
                                                              1.4470 0.6911
                       T_Lymphom 0.0126
                                                0.0000
                                                              undef 0.0000
                                                             undef 0.0000
undef 0.0000
                          Oterus 0.0015
                                                0.0000
25
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0062
                                                0.0000
                 Haematopoetisch 0.0027
                           Penis 0.0000
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35 .
               Gastrointenstinal 0.0056
                         Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0039
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                           Lunge 0.0000
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                        Placenta 0.0000
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50.
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
                         Brust_t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
                     Eierstock t 0.0000
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0058
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0097
                         Hoden_n 0.0000
                         Hoden_t 0.0000
                         Lunge_n 0.0098
                         Lunge t 0.0000
65
                          Nerven 0.0040
                         Niere_t 0.0000
                     Ovar Uterus 0.0180
                      Prostata_n 0.0485
                    Sinnesorgane 0.0000
70
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                               Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                      T/N
 5
                       B Lymphom 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                           Blase 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                        Brust 0.0070
Dickdarm 0.0000
                                                 0.0098
                                                               0.7157 1.3973
                                                               undef undef
                                                 0.0000
                                                               0.0000 undef
                       Duenndarm 0.0000
                                                 0.0320
10.
                       Eierstock 0.0030
                                                 0.0024
                                                               1.2443 0.8036
               Endokrines_Gewebe 0.0032
                                                               undef 0.0000
                                                 0.0000
                                                               0.0580 17.2337
                          Gehirn 0.0012
                                                 0.0199
                                                               undef undef
undef undef
                            Haut 0.0000
                                                 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
                                                0.0000
                                                               undef 0.0000
undef 0.0000
15
                            Herz 0,0061
                                                 0.0000
                           Hoden 0.0080
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                           Lunge 0.0000
                                                 0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0000
Muskel-Skelett 0.0000
                                                               0.0000 undef
                                                 0.0064
                                                               undef undef
undef 0.0000
                                                 0.0000
20
                           Niere 0.0045
                                                 0.0000
                        Pankreas 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                                                               1.6279 0.6143
                        Prostata 0.0085
                                                 0.0052
                       T_Lymphom 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                          Uterus 0.0103
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                                               undef undef
25
                                                 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
                           Penis 0.0107
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0028
                          Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0036
                           Lunge 0.0036
                     Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                         Placenta 0.0000
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0136
                         Brust_t 0.0000
                      Dickdarm_t 0.0000
                     Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0152
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0029
                Gastrointestinal 0.0122
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0000
                         Hoden n 0.0000
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge_n 0.0000
                          Lunge t 0.0000
                          Nerven 0.0040
65
                         Niere_t 0.0000
                     Ovar Uterus 0.0180
                      Prostata n 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
70
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL.
                                                       TUMOR
                                                                       Verhaeltnisse
                                       %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
 5
                           B Lymphom 0.0000
                                                       0.0000
                                                                       undef undef
                               Blase 0.0000
Brust 0.0018
                                                                       0.0000 undef
                                                       0.0047
                                                                       0.6262 1.5969
                                                       0.0028
                                                                       2.0184 0.4955
                            Dickdarm 0.0057
                                                       0.0028
                                                                       undef undef undef undef 0.0000
                           Duenndarm 0.0000
                                                       0.0000
10
                          Eierstock 0.0030
                                                       0.0000
                 Endokrines_Gewebe 0.0048
Gehirn 0.0000
                                                                       1.3580 0.7364
undef undef
                                                       0.0035
                                                       0.0000
                                Haut 0.0000
                                                                       undef undef
                                                       0.0000
                          Hepatisch 0.0000
Herz 0.0030
                                                                       undef undef
undef 0.0000
                                                       0.0000
15
                                                       0.0000
                               Hoden 0.0000
                                                       0.0000
                                                                       undef undef
                                                                       undef undef
0.0000 undef
                               Lunge 0.0000
                                                       0.0000
               Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                       0.0128
                                                                       undef 0.0000
undef undef
undef undef
                    Muskel-Skelett 0.0034
                                                       0.0000
20
                               Niere 0.0000
                                                       0.0000
                            Pankreas 0.0000
                                                       0.0000
                          Prostata 0.0057
T_Lymphom 0.0000
                                                                       2.1706 0.4607
                                                       0.0026
                                                                       undef undef 0.6426 1.5563
                                                       0.0000
                              Uterus 0.0030
                                                       0.0046
           Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
Haematopoetisch 0.0000
25
                                                       0.0000
                                                                       undef undef
                               Penis 0.0000
                         Samenblase 0.0000
                       Sinnesorgane 0.0000
30
                                       FOETUS
                                       %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0000
35
                 Gastrointenstinal 0.0000
                             Gehirn 0.0000
                   Haematopoetisch 0.0000
                                Haut 0.0000
                          Hepatisch 0.0000
40
                 Herz-Blutgefaesse 0.0000
                         Lunge 0.0036
Nebenniere 0.0000
                               Niere 0.0062
                            Placenta 0.0000
Prostata 0.0000
45
                       Sinnesorgane 0.0126
                                       NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                       %Haeufigkeit
                               Brust 0.0000
                         Brust t 0.0000
Dickdarm t 0.0000
                        Eierstock_n 0.0000
                 Eierstock_t 0.0000
Endokrines_Gewebe 0.0000
                  Foetal 0.0000 Gastrointestinal 0.0000
                   Haematopoetisch 0.0000
60
                        Haut-Muskel 0.0032
                             Hoden n 0.0000
                             Hoden_t 0.0000
                             Lunge_n 0.0000
                             Lunge_t 0.0000
65
                              Nerven 0.0030
                        Niere_t 0.0000
Ovar_Uterus 0.0045
                          Prostata n 0.0121
                       Sinnesorgane 0.0000
           Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
70
```

```
NORMAL
                                                 TUMOR
                                                               Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                               undef undef
undef undef
                        B_Lymphom 0.0000
Blase 0.0000
 5
                                                 0.0000
                                                 0.0000
                            Brust 0.0026
                                                                1.8786 0.5323
                                                 0.0014
                                                               undef 0.0000
undef undef
                         Dickdarm 0.0038
                                                 0.0000
                        Duenndarm 0.0000
                                                 0.0000
10
                       Eierstock 0.0059
                                                               undef 0.0000
0.4527 2.2091
                                                 0.0000
               Endokrines Gewebe 0.0032
                                                 0.0071
                          Gehirn 0.0012
                                                 0.0090
                                                               0.1289 7.7552
                                                 0.0000
                                                               undef undef
undef undef
                             Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
                                                 0.0000
15
                            Herz 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                            Hoden 0.0000
                                                               undef undef
                                                 0.0000
                            Lunge 0.0029
                                                               1.5786 0.6335
                                                 0.0018
                                                               undef undef
undef 0.0000
undef 0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                 0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0017
                                                 0:0000
                            Niere 0.0022
20
                                                 0.0000
                                                 0.0000
                                                               undef undef
                         Pankreas 0.0000
                        Prostata 0.0047
                                                 0.0013
                                                               3.6176 0.2764
                       T_Lymphom 0.0025
                                                 0.0000
                                                               undef 0.0000
                                                 0.0092
                          Uterus 0.0030
                                                               0.3213 3.1125
                                                               undef 0.0000
25
         Weisse Blutkoerperchen 0.0021
                                                 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                           Penis 0.0000
                       Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
30
                                  FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0000
                          Gehirn 0.0125
                 Haematopoetisch 0.0039
                            Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0000
                            Lunge 0.0072
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                         Placenta 0.0000
45
                         Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0251
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0000
                          Brust_t 0.0000
                       Dickdarm t 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
Eierstock_t 0.0000
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0041
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0032
                          Hoden_n 0.0084
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge_n 0.0000
                          Lunge t 0.0000
                          Nerven 0.0020
Niere_t 0.0000
65
                      Ovar Uterus 0.0180
                       Prostata n 0.0121
                    Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                  TUMOR
                                                                 Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                                undef 0.0000
0.9957 1.0043
                        B_Lymphom 0.0025
Blase 0.0117
 5
                                                  0.0000
                                                  0.0117
                            Brust 0.0097
                                                  0.0070
                                                                 1.3777 0.7259
                                                                 undef 0.0000
undef 0.0000
                         Dickdarm 0.0077
                                                  0.0000
                        Duenndarm 0.0165
                                                  0.0000
10
                        Eierstock 0.0000
                                                  0.0048
                                                                 0.0000 undef
               Endokrines Gewebe 0.0080
                                                  0.0071
                                                                 1.1317 0.8836
                           Gehirn 0.0075
                                                  0.0080
                                                                 0.9429 1.0605
                        Haut 0.0000
Hepatisch 0.0046
                                                  0.0000
                                                                 undef undef 0.7324 1.3653
                                                  0.0063
15
                             Herz 0.0071
                                                  0.0000
                                                                 undef 0.0000
                            Hoden 0.0120
                                                  0.0059
                                                                 2.0357 0.4912
                                                                 undef 0.0000
undef 0.0000
                            Lunge 0.0049
                                                  0.0000
              Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                  0.0000
                  Muskel-Skelett 0.0171
                                                                 1.5463 0.6467
                                                  0.0111
                                                                 undef undef
0.2992 3.3427
20
                            Niere 0.0000
                                                  0.0000
                         Pankreas 0.0050
                                                  0.0166
                         Prostata 0.0198
                                                  0.0078
                                                                 2.5323 0.3949
                        T_Lymphom 0.0051
                                                                 0.3381 2.9576
                                                  0.0149
                           Uterus 0.0163
                                                  0.0046
                                                                 3.5341 0.2830
25
          Weisse_Blutkoerperchen 0.0123
                                                                 undef 0.0000
                                                  0.0000
                 Haematopoetisch 0.0053
                            Penis 0.0054
                       Samenblase 0.0141
                     Sinnesorgane 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                      Entwicklung 0.0139
35
               Gastrointenstinal 0.0111
                           Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                             Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0107
                            Lunge 0.0145
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0062
                         Placenta 0.0061
45
                         Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0272
                          Brust_t 0.0000
                       Dickdarm t 0.0000
                      Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0000
55
               Endokrines_Gewebe 0.0245
                           Foetal 0.0081
                Gastrointestinal 0.0244
                  Haematopoetisch 0.0000
60
                      Haut-Muskel 0.0259
                          Hoden_n 0.0084
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge_n 0.0000
Lunge_t 0.0000
65
                           Nerven 0.0020
                          Niere t 0.0000
                      Ovar_Uterus 0.0090
                       Prostata_n 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                                TUMOR
                                                             Verhaeltnisse
                                  %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                0.0000
                                                             undef undef
 5
                       B Lymphom 0.0000
                                                             0.9957 1.0043
                           Blase 0.0117
                                                0.0117
                           Brust 0.0132
                                                0.0084
                                                             1.5655 0.6388
                        Dickdarm 0.0134
                                                             4.7095 0.2123
                                                0.0028
                       Duenndarm 0.0027
                                                0.0107
                                                             0.2577 3.8812
10
                       Eierstock 0.0030
                                                0.0072
                                                             0.4148 2.4109
              Endokrines_Gewebe 0.0032
                                                0.0106
                                                             0.3018 3.3136
                          Gehirn 0.0156
                                                             2.2381 0.4468
                                                0.0070
                            Haut 0.0000
                                                             undef undef
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
undef 0.0000
undef 0.0000
                       Hepatisch 0.0093
                                                0.0000
15
                            Herz 0.0122
                                                0.0000
                           Hoden 0.0080
                                                0.0000
                           Lunge 0.0117
                                                0.0037
                                                             3.1573 0.3167
                                                             undef 0.0000
             Magen-Speiseroehre 0.0145
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
                 Muskel-Skelett 0.0120
                                                0.0000
20
                           Niere 0.0045
                                                0.0048
                                                             0.9285 1.0770
                        Pankreas 0.0033
                                                0.0110
                                                             0.2992 3.3427
                        Prostata 0.0207
                                                0.0000
                                                             undef 0.0000
                       T_Lymphom 0.0025
                                                             0.3381 2.9576
                                                0.0075
                                                             0.6426 1.5563
                          Uterus 0.0089
                                                0.0138
25
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0055
                                                             0.0902 11.0896
                                                0.0607
                Haematopoetisch 0.0000
                           Penis 0.0134
                      Samenblase 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0235
30
                                  FOETUS
                                  %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
              Gastrointenstinal 0.0111
                          Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0039
                           Haut 0.0000
                       Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0142
                          Lunge 0.0145
                      Nebenniere 0.0000
                           Niere 0.0000
                        Placenta 0.0061
45
                        Prostata 0.0000
                    Sinnesorgane 0.0126
                                  NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                  %Haeufigkeit
                           Brust 0.0136
                         Brust_t 0.0000
                      Dickdarm t 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
                     Eierstock_t 0.0101
55
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0098
               Gastrointestinal 0.0122
                Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0032
                         Hoden_n 0.0084
Hoden_t 0.0000
                         Lunge_n 0.0098
                         Lunge_t 0.0000
                          Nerven 0.0080
65
                         Niere_t 0.0000
                     Ovar Uterus 0.0135
                      Prostata n 0.0061
                    Sinnesorgane 0.0387
70
         Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

```
TUMOR
                                                                 Verhaeltnisse
                                    NORMAL
                                    %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
                                                                 undef undef
                        B Lymphom 0.0000
 5
                                                   0.0000
                            Blase 0.0000
Brust 0.0000
                                                   0.0141
                                                                 0.0000 undef
                                                                 0.0000 undef
                                                   0.0042
                         Dickdarm 0.0115
                                                   0.0028
                                                                 4.0367 0.2477
                        Duenndarm 0.0082
Eierstock 0.0000
                                                                 undef 0.0000
0.0000 undef
                                                   0.0000
10
                                                   0.0024
                                                                 0.9054 1.1045
               Endokrines_Gewebe 0.0048
                                                   0.0053
                           Gehirn 0.0064
                                                   0.0030
                                                                 2.1276 0.4700
                                                                 undef undef
undef 0.0000
undef 0.0000
                             Haut 0.0000
                                                   0.0000
                        Hepatisch 0.0046
                                                   0.0000
15
                             Herz 0.0051
                                                   0.0000
                                                   0.0059
                                                                 2.7142 0.3684
                             Hoden 0.0161
                            Lunge 0.0058
                                                   0.0074
                                                                 0.7893 1.2669
                                                                 undef undef
              Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                   0.0000
                                                                 1.3917 0.7186
                  Muskel-Skelett 0.0051
                                                   0.0037
                                                                 undef undef
0.2992 3.3427
                         Niere 0.0000
Pankreas 0.0017
20
                                                   0.0000
                                                   0.0055
                                                                 2.1706 0.4607
                         Prostata 0.0057
                                                   0.0026
                                                                 undef undef
undef 0.0000
                        T_Lymphom 0.0000
                                                   0.0000
                           Uterus 0.0044
                                                   0.0000
25
          Weisse_Blutkoerperchen 0,0014
                                                                 undef 0.0000
                                                   0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                            Penis 0.0107
                       Samenblase 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
30
                                    FOETUS
                                    %Haeufigkeit
               Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0028
.35
                           Gehirn 0.0188
                 Haematopoetisch 0.0000
                             Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0000
               Herz-Blutgefaesse 0.0036
40
                            Lunge 0.0036
                       Nebenniere 0.0000
                            Niere 0.0000
                         Placenta 0.0061
45
                         Prostata 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                    %Haeufigkeit
                            Brust 0.0136
                         Brust_t 0.0000
                       Dickdarm t 0.0000
                      Eierstock n 0.0000
                      Eierstock_t 0.0000
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0000
                 Gastrointestinal 0.0122
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                      Haut-Muskel 0.0000
                          Hoden_n 0.0000
Hoden_t 0.0000
                           Lunge_n 0.0195
                           Lunge_t 0.0000
Nerven 0.0050
65
                           Niere t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0068
                       Prostata_n 0.0182
                     Sinnesorgane 0.0000
70
          Weisse Blutkoerperchen 0.0000
```

70

Weisse\_Blutkoerperchen 0.0000

```
NORMAL
                                                  TUMOR
                                                                Verhaeltnisse
                                   %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                     T/N
5
                                                                0.1840 5.4361
                        B_Lymphom 0.0025
                                                  0.0136
                            Blase 0.0039
                                                  0.0023
                                                                1.6595 0.6026
                         Brust 0.0106
Dickdarm 0.0096
                                                 0.0056
                                                                1.8786 0.5323
                                                  0.0142
                                                                0.6728 1.4864
                        Duenndarm 0.0027
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
               Eierstock 0.0030
Endokrines_Gewebe 0.0016
10
                                                  0.0048
                                                                0.6222 1.6073
                                                                0.0696 14.3590
                                                  0.0231
                           Gehirn 0.0139
                                                  0.0040
                                                                3.4816 0.2872
                                                                undef undef 0.7324 1.3653
                             Haut 0.0000
                                                  0.0000
                        Hepatisch 0.0093
                                                  0.0127
15
                             Herz 0.0081
                                                                0.2954 3.3858
                                                  0.0275
                            Hoden 0.0000
                                                  0.0118
                                                                0.0000 undef
                            Lunge 0.0078
                                                  0.0092
                                                                0.8419 1.1877
              Magen-Speiseroehre 0.0072
Muskel-Skelett 0.0034
                                                                0.5668 1.7644
                                                 0.0128
                                                                undef 0.0000
                                                  0.0000
                                                                0.7737 1.2924
20
                            Niere 0.0112
                                                  0.0145
                                                                undef 0.0000
1.7364 0.5759
                         Pankreas 0.0066
                                                  0.0000
                         Prostata 0.0113
                                                 0.0065
                        T_Lymphom 0.0152
                                                  0.0224
                                                                0.6762 1.4788
                           Uterus 0.0059
                                                  0.0000
                                                                undef 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0096
                                                                0.1578 6.3369
25
                                                  0.0607
                 Haematopoetisch 0.0094
                            Penis 0.0054
                       Samenblase 0.0000
                     Sinnesorgane 0.0000
30
                                   FOETUS
                                   %Haeufigkeit
                     Entwicklung 0.0000
35
               Gastrointenstinal 0.0028
                           Gehirn 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
                            Haut 0.0000
                        Hepatisch 0.0260
40
               Herz-Blutgefaesse 0.0071
                            Lunge 0.0036
                       Nebenniere 0.0254
                           Niere 0.0371
                         Placenta 0.0061
45
                         Prostata 0.0249
                     Sinnesorgane 0.0126
                                   NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
50
                                   %Haeufigkeit
                            Brust 0.0068
                          Brust_t 0.0000
                       Dickdarm t 0.0000
                      Eierstock n 0.0000
Eierstock t 0.0101
55
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                           Foetal 0.0156
                Gastrointestinal 0.0244
                 Haematopoetisch 0.0000
60
                     Haut-Muskel 0.0194
                          Hoden n 0.0042
                          Hoden_t 0.0000
                          Lunge_n 0.0195
                          Lunge t 0.0000
65
                           Nerven 0.0181
                          Niere_t 0.0000
                      Ovar Uterus 0.0180
                     Prostata_n 0.0121
Sinnesorgane 0.0232
```

WO 99/46375

#### PCT/DE99/00722

#### 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

89

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

# 15 Beispiel 3

## Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

20

25

- Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
- Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
  - Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen
- Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen *C<sub>i</sub>* (*i*: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H<sub>0</sub> Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while *C<sub>i</sub>* > *C<sub>j-1</sub>*; Abbruchkriterium II).
- Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.
- Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatatumor-Gewebe gefunden werden.

WO 99/46375 90 PCT/DE99/00722

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

## 10 Beispiel 4

# Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama 15 vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzellinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzellinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-20 -Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver\_ form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de) 25 bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Cromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl).

# **Beispiel 5**

# Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)

Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (http://www.tree.caltech.edu/; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

91

Die nachfolgenden Beispiele erläutem die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

Seq. ID Nr.	Identifiz	ierte BACs	
3	320-L-23		
4	461-O-11		
8	283-P-15	322-B-7	317-H-19
24	272-N-9	340-L-19	554-D-3
31	293-K-21	337-1-17	363-J-15
46	410-A-9		
47	268-B-2	532-B-10	,

ape	abelle1				,			
Seq	Seq Expression	Funktion	Module	Cytogenetische	Nächster Marker Länge des		Länge der	Seq ID der
_ ٰ				Lokalisation		Ausgangs-EST in Basen	beanspruchten Ausgangsse- Sequenz in quenz	Ausgangsse- quenz
10	2 im normalen	ZYXIN 2	LIM	7q33-7q35	D7S661	202	1437	
	Prostatagewebe erhöht							
"	3 in gesundem Prostata- und Brustgewebe erhöht	Unbekannt		17p13.3	D17S2199- D17S1548	207	202	
4	4 im normalen Prostatanawaha arhitht	PCCMT		1p36.31	D1S2145-	215	1265	
١	6 im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt	UBIQUITIN_CON- 1q21.2 JUGAT 2	1921.2	D1S3384- D1S305	225	1330	
	7 im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt	1	11q11-q13.1	D11S4205-	231	762	
۳	8 im normalen Prostatagewebe erhöht	Humanes Homolog de Proteins aus der Ratte	Humanes Homolog des TEGT- 10q23.1 Proteins aus der Ratte	10q23.1	D10S551- D10S532	246	1228	
l"	9 im normalen Blasen- und Prostatagewebe erhöht	SRP20	rrm	6p21.2	NIB1566-WI- 4186	243	914	
۲	10 4x stärker als im normalen Prostatagewebe	Muf1		1p33-p32.3	D1S1558- D1S232	315	1126	
1	12 im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		7p21.3-7p14.1	D7S2363	219	538	
۳	13 im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		22q12.1 - 22q13.1	D22S1144	210	321	
14	t ausschließlich in der normalen Prostata	E4BP4	B_ZIP	9q22.1-q22.2	D9S787	217	847	
7	16 stärker im normalen Brust- und Prostatagewebe als im entsprechenden Tumor	HUMANer PHOSPHOLEMMAN PRECURSOR	EMMAN R	19q13.1		210	573	
=	17 verstärkt in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	Mögliches Hi zu S1R	Mögliches Humans Homolog zu S1R	12q13.13 - 12q14.1	D12S1700- D12S1601	244	486	

			· .		
Seq ID der Ausgangsse- quenz			· .		
Länge der Seq ID der beanspruchten Ausgangsse- Sequenz in quenz Basen	662	750	1001	580	740
EST in	215	225	229	184	237
Nächster Marker Länge des Ausgangs- Basen	D10S551- D10S532	D2S433- D2S295	D9S158-	SGC32968	
Cytogenetische Lokalisation	10q23.32 - 10q24.31	2q35	9q34.13	1p36.13-p32.3	20q11.1-q11.22
Module			zu JANUS-A aus a melanogaster		
Funktion	Unbekannt	Unbekannt	Homolog zu Drosophila n	Unbekannt	EIF-6
Seq Expression ID	18 ca. 6x stärker in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	19 ca. 2x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	21 ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 7x häufiger in Brust- und Lungentumoren als in entsprechen-den Normalgeweben	23 stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe	24 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe, stark exprimiert in Hauttumoren

Sed ⊡	Seq Expression ID	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker Länge des Ausgangs- Rasen	EST in	Länge der Seanspruchten /	Seq ID der Ausgangsse-
	·			j			Basen	7
l∺	26 stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe	Homolog zu F SORCIN	zu HUMANem	1p36.11-p34.3	D1S233- D1S2548	219	975	
١٣٠	27 stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		9p21.1-9q12	SHGC-7278- SHGC-33912	259	854	
120	28 ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		11q12.1 - 11q13.5	SHGC-15247- NIB715	288	803	
ıχı	29 stärker im normalen Prostatagewebe als Im ensprechenden Tumorgewebe	IL-6SAG		20p11.23- p11.21	D20S807- SHGC-11944	224	807	
ı≍ ·	30 ca. 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		Xp11.23-p11.21	WI-5587-WI- 5717	276	777	
lm	31 stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe	Unbekannt				238	501	
122	32 stärker im normalen. Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe, 10x erhöht in Muskel- und Skelettumoren	Unbekannt		3p21.1 - 3p22.2	WI-9590-WI- 3521	284	1104	

S G G	Seq Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker Länge des Ausgangs- Basen	EST in	Länge der beanspruchten / Sequenz in og Basen	Seq ID der Ausgangsse- quenz
<u></u> ජ	33 in normalem Prostatagewebe erhöht	Humanes Hor domain bindir der Maus	Humanes Homolog des WW- domain binding protein 1 aus der Maus	2p13.1	D2S145-SHGC- 37085	208	810	
<u> </u> ස්	35 in normalem Prostatagewebe und in gastrointestinalen Tumoren erhöht	Unbekannt		3p23-p21.1	SHGC-32684- D3S4150	223	828	
ကိ	36 in normalem Prostatagewebe erhöht	101	HH	20p11.22 - 20q11.21	WI-1163	254	578	
<u>ω</u>	37 in normalem Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		8p12	SHGC-5722- SHGC-5765	293	799	
ñ	39 in Prostatatumoren erhöht	C1 inhibitor s	serpin	11p13-11q13.1	SHGC-30227- D11S1983	262	1743	
4	41 stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Acyl-protein the	ein thioesterase	6p21.31-q21.2	D6S1868-	267	1183	
4	42 stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		16q12.1-22.1	SHGC-6119- SHGC-15371	270	768	
4	43 ca. 6x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		17q11.2-q21.31	SHGC-30259- SHGC-13493	279	1029	

der ngsse-		-		:				·
Seq ID der Ausgangsse- quenz								
Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	736			1186	1029	982	622	1129
EST in	237	259	159	250	261	261	246	239
Länge Ausgar Basen		., .		·				
Nächster Marker Länge des Ausgangs- Basen	SHGC-11833 SHGC-11833	IB1264-WI-6480		D1S3131- D1S2674	WI-7565-WI- 6351	D15S1241- D15S197	D4S405-SHGC- 9448	D6S1644- D6S2057
Cytogenetische Lokalisation	16q23.1-q24.2	19p13.3	6q13-q21	1p36.11	5q21.1-q33.2	15q23-24.1	4p14	6q16.2
Module					kazal			
Funktion	Unbekannt	Unbekannt	Unbekannt	Unbekannt	SPARC	Unbekannt	Unbekannt	B4-2
Seq Expression ID	44 ca. 3x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 8x häufiger im Gehirntumor als im vergleichbaren Normalgewebe	46 in normalem Prostatagewebe erhöht	47 in normalem prostatalschen, hepatischen und ovarial Gewebe erhöht	51 in normalem Prostatagewebe und in haematopoe-tischen Tumoren erhöht	52 in normalem Prostatagewebe und in Gehirntumoren erhöht	53 in normalem Prostatagewebe erhöht	54 in normalem Prostatagewebe und in Skelettumoren erhöht	55 in normalem Prostatagewebe und hepatischen Tumoren erhöht
Seq	44	46	47	51	25	53	54	55

							ſ	
Sed □	Seq Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker Länge des Ausgangs-	EST in	ten	Seq ID der Ausgangsse-
!							Sequenz in Basen	dneuz
25	58 ca. 3x stärker in normalem	Unbekannt		1912	SHGC-32015-	160	877	
	Prostatagewebe als im	•			D1S442			
	Timorgewebe							
				-				
വ്	59 ca. 5x stärker in normalem	Methyl-CpG MBD2	SpG bindendes Protein	18q21.32- 18q21.32		288	1329	
· 								
	Tumorgewebe							:
ြထ	60 stärker in normalem	Unbekannt		11q21-11q23.2		310	269	
	Prostatagewebe als im		· .					
	Tumorgewebe							
φ	61 in normalem	Unbekannt		17p11.2	AFMA126YD5	378	1389	
	Prostatagewebe und in endokrinen Tumoren erhöht							
		-		į				
φ	62 in normalem Prostata- und Brustaewebe erhöht	Unbekannt		4q21.21 - 4q21.23	WI-7565-WI- 9200	260	535	
φ	63 in normalem Prostata- , Blasen- und Brusttumoren	Unbekannt		16p12.3 - 16p13.11	AFMB354YF9	216	1098	
	erhöht							
Ó	64 1.8088 x Im gutartigen Prostatagewebe exprimiert	Homolog zu RanBP7		11p15.3-p15.5	D11S909- D11S4149	302	1860	
2	217 2.894 × im gutartigen Prostatagewebe gegenüber	Unbekannt	UBIQUITIN_CON 1921.2	1921.2	D1S3384- D1S305		1880	
	dem Prostatatumor exprimiert							

	1/4	T	<del></del>	<del></del>	<u> </u>	T	<del>,</del>	<u></u>
Seq ID der Ausgangsse- quenz		27	29	30	31	32	33	32
Lange der Seq ID der beanspruchten Ausgangsse- Sequenz in quenz Basen	1502	1892	1522	2016	765	1611	1473	2503
EST in		iC-33912	11944					94150
Cytogenetische Nächster Marker Länge des Lokalisation Basen	D1S233- D1S2548	SHGC-7278-SHGC-33912	D20S807-SHGC-11944	WI-5587-WI- 5717		WI-9590-WI- 3521	D2S145-SHGC- 37085	SHGC-32684-D3S4150
Cytogenetische Lokalisation	1p36.11-p34.3	9p21.1-9q12	20p11.23- p11.21	Xp11.23-p11.21	·	3p21.1 - 3p22.2	2p13.1	3p23-p21.1
Module	Homolog zu EF_HAND_2 HUMANem SORCIN						Humanes Homolog des WW-domain binding protein 1 aus der Maus	Homolog zu der OLIGOSACCHARYL TRANSFERASE STT3 Untereinheit aus C. elegans
Funktion	Homolog zu HUMANem SORCIN	Unbekannt	IL-6SAG	Unbekannt	Unbekannt	Unbekannt	Humanes Ho domain bindi der Maus	Homolog zu der OLIGOSACCHARYL TRANSFERASE STT3 Untereinheit aus C. ele
Seq Expression ID	225 8.6822 x im gutartigen Homolog zu Prostatagewebe gegenüber HUMANem dem Prostatatumor SORCIN exprimiert	226 Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	227 2.4117 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	228 2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	229 Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	230 1 447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	2312.6529 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber domain dem Prostatatumor der Mau exprimiert	232 3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert
<u>&amp; ⊡</u>	8	[2]	2	2	12	2	N N	X

			(0)	~				
Seq ID der Ausgangsse- quenz	37	41	42	43	44	46	47	
Länge der Seq ID der beanspruchten Ausgangsse- Sequenz in quenz Basen	1756	1286	1230	2328	1767	2311	1772	2409
Länge des Ausgangs-EST in Basen	765		5371	13493	11833		<u> </u>	
Nachster Marker L. A A B B	SHGC-5722-SHGC-5765	D6S1868-D6S1867	SHGC-6119-SHGC-1537	SHGC-30259-SHGC-13493	SHGC-32665-SHGC-11833	IB1264-WI-6480		D1S3131-D1S2674
Cytogenetische Lokalisation	8p12	6p21.31-q21.2	16q12.1-22.1	17q11.2-q21.31	16q23.1-q24.2	19p13.3	6q13-q21	1p36.11
Module		in thioesterase					X	
Funktion	Unbekannt	Acyl-protein t	Unbekannt	Stat5b	Unbekannt	Unbekannt	SDP3	Unbekannt
Seq Expression ID	233 2.7132 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	234 Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	235 Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	236 2.6529 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	237 3.2558 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	238 4.3411 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	239 3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	240 1.447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert
გ ⊡	23	R	2	18	22	8	18	%

Seq Expression	Funktion	Module	Cytogenetische	Nächster Marker	Länge des	Länge der	Seq ID der
			Lokalisation		Ausgangs-EST beanspruchten Ausgangsse- in Basen Sequenz in quenz Basen	beanspruchten Sequenz in Basen	Ausgangsse- quenz
241 1.6279 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		15923-24.1	D15S1241-D15S197		2594	
242 2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		4p14	D4S405-SHGC-9448		1012	52
243 3.6176 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		1912	SHGC-32015-D1S442		1206	28
244 2.5323 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		17p11.2	AFMA126YD5		2514	61
245 Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	LIMP II	CD36	4q21.21 - 4q21.23	WI-7565-WI-9200		3903	62
246 2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		16p12.3 - 16p13.11	<b>А</b> FМВ354ҮF9		1730	63
247 1.7364 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu r RanBP7		11p15.3-p15.5	D11S909-D11S4149		3439	

Tabelle 2

DNA-Sequenz . ID No.			ORF :	Seque	nz ID N	<u> 10</u>	
2	66						•
3	67	68	<b>69</b> .	7.0			
. 4	71	00		7.0			
	73						
6 7	74		•				
8	75						
9	82						
10	83						
12	90						: '
14	91				•	· .	•
16	92						
17	93	,					**
18	97	98	99	100	101		
19	102	103	104	105	101	•	÷
21	102	100	104	. 100			•
23	111	112	113				•
24	114	112	113				•
26	116						•
27	117	118	119				•
28	120	121	122	123	124	•	
29	128	•		.20			
30	129	130	131		٠,		
31.	132			•			
32	133	·					
33	134	135	136	137	٠,		
35	139	140	141	142	143	144	145 146
36	147	148	149			• • •	
39	152					-	
41	154	155	156	157			
42	158	159	160	161			
43	162	163	164				•
44	165					• .	
46	168	169	170	171	172		
47	173						
51	183	184	185	186	187		
<b>5</b> 2	188	189	190	191	192	193	
54	194		,			. :	
<b>5</b> 5	195					•	
58	201						
<b>5</b> 9	202	203	204	205	206		*
60	207		209				
61	210						
62		215	216				
217	248	÷ · •				•	•
218	249	250		• .			•
219	251					•	
220	252						
221	253				•		
·					•		

222 . 254 25	55
223 256	
224 257	•
225 . 258	
226 259 26	<b>30</b> .
227 261 26	32
228 263	
229 264 26	35
230 266	
231 267 26	<b>.</b> 86
232 269	
233 270 27	71
234 272 27	73
235 274 27	75
236 276 27	77
237 278 27	79
238 280 28	<b>31</b>
239 282	
240 283 28	84
241 285 28	86
242 287 28	88
243 289 29	90
244 . 291 29	92
245 293	
246 294	
247 295	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

# Sequenzprotokoli

# 5 (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

- (i) ANMELDER:
  - (A) NAME: metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH
  - (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- 10 (C) STADT: Berlin
  - (E) LAND: Deutschland
  - (F) POST CODE (ZIP): D-14195
  - (G) TELEFON: (030)-8413 1672
  - (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG:

Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus

Prostatagewebe

20

25

- (iii) Anzahl der Sequenzen: 216
- (iv) COMPUTER READABLE FORM:
  - (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
  - (B) COMPUTER: IBM PC compatible
  - (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
  - (D) SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25 (EPO)
- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:1437 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
    - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 / (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH.
  - (C) ORGAN:

# (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```
CTCCTTGGAA GTCCCCTTCC AGCTCCCAGC CTCTGCCCCA GGTTCCGGCT CCGGCTCAGA
     GCCAGACACA GTTCCATGTT CAGCCCCAGC CCCAGCCCAA GCCTCAGGTC CAACTCCATG 120
     TCCAGTCCCA GACCCAGCCT GTGTCTTTGG CTAACACCCA GCCCCGAGGG CCCCCAGCCT 180
     CATCTCCGGC TCCAGCCCCT AAGTTTTCTC CAGTGACTCC TAAGTTTACT CCTGTGGCTT 240
10
     CCAAGTTCAG TCCTGGAGCC CCAGGTGGAT CTGGGTCACA ACCAAATCAA AAATTGGGGC 300
     ACCCCGAAGC TCTTTCTGCT GGCACAGGCT CCCCTCAACC TCCCAGCTTC ACCTATGCCC 360
     AGCAGAGGGA GAAGCCCCGA GTGCAGGAGA AGCAGCACCC CGTGCCCCCA CCGGCTCAGA 420
     ACCAAAACCA GGTGCGCTCC CCTGGGGCCC CAGGGCCCCT GACTCTGAAG GAGGTGGAGG 480
15
     AGCTGGAGCA GCTGACCCAG CAGCTAATGC AGGACATGGA GCATCCTCAG AGGCAGAATG 540
     TGGCTGTCAA CGAACTCTGC GGCCGATGCC ATCAACCCCT GGCCCGGGCG CAGCAGCCGT 600
     CCGCGCTCTA GGGCAGCTGT TCCACATCGC CTGCTTCACC TGCCACCAGT GTGCGCAGAG 660
     CTCCAGGGCC AGCAGTTCTA CAGTCTGGAG GGGGCGCCGT ACTGCGAGGG CTGTTACACT 720
     GACACCCTGG AGAAGTGTAA CACCTGCGGG GAGCCCATCA CTGACCGCAT GCTGAGGGCC 780
     ACGGGCAAGG CCTATCACCC GCACTGCTTC ACCTGTGTGG TCTGCGCCCG CCCCCTGGAG 840
     GGCACCTCCT TCATCGTGGA CCAGGCCAAC CGGCCCCACT GTGTCCCCGA CTACCACAAG 900
     CAGTACGCCC CGAGGTGCTC CGTCTGCTCT GAGCCCATCA TGCCTGAGCC TGGCCGAGAT 960
     GAGACTGTGC GAGTGGTCGC CCTGGACAAG AACTTCCACA TGAAGTGTTA CAAGTGTGAG1020
     GACTGCGGGA AGCCCCTGTC GATTGAGGCA GATGACAATG GCTGCTTCCC CCTGGACGGT1080
25
     CACGTGCTCT GTCGGAAGTG CCACACTGCT AGAGCCCAGA CCTGAGTGAG GACAGGCCCT1140
     CTTCAGACCG CAGTCCATGC CCCATTGTGG ACCACCCACA CTGAGACCAC CTGCCCCCAC1200
     CTCAGTTATT GTTTTGATGT CTAGCCCCTC CCATTTCCAA CCCCTCCCTA GCATCCCAGG1260
     TGCCCTGACC CAGGACCCAA CATGGTCTAG GGATGCAGGA TCCCCGCCCT GGGGTCTGGT1320
     CCTCGCCCAT CCTGCAGGGA TTGCCCACCG TCTTCCAGAC ACCCCACCTG AGGGGGGCAC1380
30
     AAGGTTTAGT GCTGCTGCTT TCACTGCTGC ACCCGCGCCC TCGGCCGGCC CCCCGAG
```

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:707 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

	TGCGGCCCGG	GCCTTAAAGC	GTCCATTTCC	CAGCGGCCCT	CCGCTGCGAG	ACCGCAGCCC	60
5	TTCTCTGGAG	TCTCAGAGCC	GCAAGACACC	ACGACTCCCA	GAGGACCTTG	CGTCGGGCAA	120
	GAAAGACTAC	ACCTTCCAGA	GGCCTCTGCG	GCGCCGCGAC	AGGAAGCGGC	GGGCGAGCCG	180
	AGTGTCCTTG	CGCGTGGATC	CGAGCGACCA	TGGTGGCCCG	GGTGTGGTCG	CTGATGAGGT	240
	TCCTCATCAA	GGGAAGTGTG	GCTGGGGGCG	CCGTCTACCT	GGTGTACGAC	CAGGAGCTGC	300
•	TGGGGCCCAG	CGACAAGAGC	CAGGCAGCCC	TACAGAAGGC	TGGGGAGGTG	GTCCCCCCG	360
10	CCATGTACCA	GTTCAGCCAG	TACGTGTGTC	AGCAGACAGG	CCTGCAGATA	CCCCAGCTCC	420
	CAGCCCCTCC	AAAGATTTAC	TTTCCCATCC	GTGACTCCTG	GAATGCAGGC	ATCATGACGG	480
	TGATGTCAGC	TCTGTCGGTG	GCCCCCTCCA	AGGCCCGCGA	GTACTCCAAG	GAGGGCTGGG	540
	AGTATGTGAA	GGCGCGCACC	AAGTAGCGAG	TCAGCAGGGC	CGCCTGCCCC	GGCCAGAACG	600
	GGCAGGGCTG	CCACTGACCT	GAAGACTCCG	GACTGGGACC	CCACTCCGAG	GGCAGGCCTC	660
15	CCGATTGCCG	GCCCAATAAA	GGACTTCAGA	AGTGAAAAAA	AAAAAA		707

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

# (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK.

(A) LÄNGE:1265 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 25 hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN 30

20

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

· ·	CACTGGGATG	GGCATACACT	ACTCACAGGG	TGTGTGAGAT	GAGAAGAACA	CGTCAANGTT	60
	TTTATACTCA	GATGTGGGAG	CGACATCAAT	GAAATCTGTA	CTGTATGAAA	GCTACACAAA	120
	GTGAGCCACC	ACGCCCAGCC	AAGATGAACT	CCTTAAGGAC	AGGATTTGGT	AAGTGATTGA	360
	CTTCTTTTTA	GTTCCATGAT	CTTGAGATTA	TTTTTAGCTT	TATAAATTTA	GCAGTGGCAG	420
	GGCCCGTGGA	GAATCAGGTT	AATGAGGTAA	AGGCTTTCTG	GGTATTTGCT	GCCAAGGCCA	480
	CATCACCAAT	TTTCTCGATT	TAAAAAACTG	TCAAGAGATT	TATTTTTCCA	TTGCAGGTTT	540
	TAAAGTGGAG	ATTCTGAAGT	GGAAAATAGG	TACTGTCAGA	ACAAAGCTAC	CTGGAAACAG	600
	CATAGAGTGA	AGCCTTTCGT	GAGGGCTTGC	AGGCCGCTGC	TGAGTGGCAG	TTTACAGAAG	660
	AGGTCGCGGG	GTGAGCCTCT	TAGCAGGACA	GAAAACAAGG	CAGCAGCGCA	CCTGCCACCC	720
		TTTATACTCA AATGGGCAGA TTATCAACTC TTATATATAC GTGAGCCACC CTTCTTTTTA GGCCCGTGGA CATCACCAAT TAAAGTGGAG CATAGAGTGA	TTTATACTCA GATGTGGAG AATGGGCAGA CATTTGGTTA TTATCAACTC AGAAATATGA TTATATATAC CAAAGAGGCT GTGAGCCACC ACGCCCAGCC CTTCTTTTTA GTTCCATGAT GGCCCGTGGA GAATCAGGTT CATCACCAAT TTTCTCGATT TAAAGTGGAG ATTCTGAAGT CATAGAGTGA AGCCTTTCGT	TTTATACTCA GATGTGGGAG CGACATCAAT AATGGGCAGA CATTTGGTTA ATTGTGCCAG TTATCAACTC AGAAATATGA CTTATTTCTA TTATATATAC CAAAGAGGCT TACGGGTTCA GTGAGCCACC ACGCCCAGCC AAGATGAACT CTTCTTTTTA GTTCCATGAT CTTGAGATTA GGCCCGTGGA GAATCAGGTT AATGAGGTAA CATCACCAAT TTTCTCGATT TAAAAAACTG TAAAGTGGAG ATTCTGAAGT GGAAAATAGG CATAGAGTGA AGCCTTTCGT GAGGGCTTGC	TTTATACTCA GATGTGGGAG CGACATCAAT GAAATCTGTA AATGGGCAGA CATTTGGTTA ATTGTGCCAG ATACCTAAAA TTATCAACTC AGAAATATGA CTTATTTCTA GATTTCATGG TTATATATAC CAAAGAGGCT TACGGGTTCA TTGATTGGTT GTGAGCCACC ACGCCCAGCC AAGATGAACT CCTTAAGGAC CTTCTTTTTA GTTCCATGAT CTTGAGATTA TTTTTAGCTT GGCCCGTGGA GAATCAGGTT AATGAGGTAA AGGCTTTCTG CATCACCAAT TTTCTCGATT TAAAAAACTG TCAAGAGATT TAAAGTGGAG ATTCTGAAGT GAGGGCTTGC AGGCCGCTGC	TTTATACTCA GATGTGGGAG CGACATCAAT GAAATCTGTA CTGTATGAAA AATGGGCAGA CATTTGGTTA ATTGTGCCAG ATACCTAAAA TGTATGTTCA TTATCAACTC AGAAATATGA CTTATTTCTA GATTTCATGG CTTAATGAAT TTATATATAC CAAAGAGGCT TACGGGTTCA TTGATTGGTT TGAAAACCAG GTGAGCCACC ACGCCCAGCC AAGATGAACT CCTTAAGGAC AGGATTTGGT CTTCTTTTTA GTTCCATGAT CTTGAGATTA TTTTTAGCTT TATAAATTTA GGCCCGTGGA GAATCAGGTT AATGAGGTAA AGGCTTTCTG GGTATTTGCT CATCACCAAT TTTCTCGATT TAAAAAACTG TCAAGAGATT TATTTTCCA TAAAGTGGAG ATTCTGAAGT GAGGGCTTGC AGGCCGCTGC TGAGTGGCAG	CACTGGGATG GGCATACACT ACTCACAGGG TGTGTGAGAT GAGAAGAACA CGTCAANGTT TTTATACTCA GATGTGGGAG CGACATCAAT GAAATCTGTA CTGTATGAAA GCTACACAAA AATGGGCAGA CATTTGGTTA ATTGTGCCAG ATACCTAAAA TGTATGTTCA GAAAAGCATT TTATCAACTC AGAAATATGA CTTATTTCTA GATTTCATGG CTTAATGAAT TTTTTCATTG TTATATATAC CAAAGAGGCT TACGGGTTCA TTGATTGGTT TGAAAACCAG ACAGACGGCC GTGAGCCACC ACGCCCAGCC AAGATGAACT CCTTAAGGAC AGGATTTGGT AAGTGATTGA CTTCTTTTTA GTTCCATGAT CTTGAGATTA TTTTTAGCTT TATAAATTTA GCAGTGGCAG GGCCCGTGGA GAATCAGGTT AATGAGGTAA AGGCTTTCTG GGTATTTGCT GCCAAGGCCA CATCACCAAT TTTCTCGATT TAAAAAACTG TCAAGAGATT TATTTTTCCA TTGCAGGTTT TAAAGTGGAG ATTCTGAAGT GGAAAATAGG TACTGTCAGA ACAAAGCTAC CTGGAAACAG CATAGAGTGA AGCCTTTCGT GAGGGCTTGC AGGCCGCTGC TGAGTGGCAG TTTACAGAAG AGGTCGCGGG GTGAGCCTCT TAGCAGGACA GAAAACAAGG CAGCAGCGCA CCTGCCACCC

	CTTCACGAGC	TGCTCCTTGA	GCCTAAAAAG	TAGGCTTTAT	TCATCCCTTC	TGTTCATTTA	780
	CCAACCTGGG	GGATTGATAC	GACCGGGGAA	<b>AATGTTCCTA</b>	AACCAGGAAG	CTGCGTTAGC	840
	GAATCAGCTT	TGGTAAGATC	TCGCCAACAG	CTAGCTGCTT	AGGAGTACCC	CCACGATACG	900
				TTCTTCCTGC			
				AGGTTAGAAG			
				CTGCAGAGGC			
				GCCTATCCCA			
,				TAAATGGTTT			
	TGGAATTTCC	TTTCACAGAT	ACTGATAATC	CTTTCCAGTT	CTTAAATAAA	AACTGCACTT1	1260
	GGATT		• •			1	1265

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

# (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:

30

10

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

		CTTGGAGAGG	CTGGTGGACA	TAAAGAAAGG	GAATACTCTG	CTATTGCAGC	ATCTGAAGAG	60
		GATCATCTCC	GACCTGTGTA	<b>AACTCTATAA</b>	CCTCCCTCAG	CATCCAGATG	TGGAGATGCT	120
		GGATCAACCC	TTGCCAGCAG	AGCAGTGCAC	ACAGGAAGAC	GTGTCTTCAG	AAGATGAAGA	180
40		TGAGGAGATG	CCTGAGGACA	CAGAAGACTT	<b>AGATCACTAT</b>	GAAATGAAAG	AGGAAGAGCC	240
		AGCTGAGGGC	AAGAAATCTG	<b>AAGATGATGG</b>	CATTGGAAAA	GAAAACTTGG	CCATCCTAGA	300
		GAAAATTAAA	AAGAACCAGA	GGCAAGATTA	CTTAAATGGT	GCAGTGTCTG	GCTCGGTGCA	360
	ï	GGCCACTGAC	CGGCTGATGA	AGGAGCTCAG	GGATATATAC	CGATCACAGA	GTTTCAAAGG	420
						GATTGGAATG		
45	•	CAAAGTTGAC	CAGGACAGCG	CTTTGCACAA	CGATCTCCAG	ATCCTCAAAG	AGAAAGAAGG	540
		AGCCGACTTC	ATTCTACTTA	ACTTTTCCTT	TÁAAGATAAC	TTTCCCTTTG	ACCCACCATT	600
		TGTCAGGGTT	GTGTCTCCAG	TCCTCTCTGG	AGGGTATGTT	CTGGGCGGAG	GGGCCATCTG	660
		CATGGAACTT	CTCACCAAAC	AGGGCTGGAG	CAGTGCCTAC	TCCATAGÁGT	CAGTGATCAT	720
		GCAGATCAGT	GCCACACTGG	TGAAGGGGAA	AGCACGAGTG	CAGTTTGGAG	CCAACAAATC	780
50		TCAATACAGT	CTGACAAGAG	CACAGCAGTC	CTACAAGTCC	TTGGTGCAGA	TCCACGAAAA	840
		AAACGGCTGG	TACACACCCC	CAAAAGAAGA	CGGCTAACCC	TGGAGTATCA	CCCTTCCTCC	900
		CTCCCCAGGC	ACCACTGGAC	CAATTACCTT	TGAATGCTGT	ATTTGGATCT	CACGCTGCCT	960
		CTGTGGTTCC	CTCCCTCATT	TTTCCTGGAC	GTGATAGCTC	TGCCTATTGC	AGGACAATGA:	1020

TGGCTATTCT	AAACGCTAAG	GAAAAAAAAC	AAACACAGAA	CTGTTTCAAG	TACTCAAGAC1080
TGACTTACAG	ACCAACCAAC	CACCTTGCTG	GAACCCTTGC	TAGCAGGCAT	TCTTATAAAA1140
GAAACTTTCG	AGCCTCCTTA	TATTGCTGGA	AACTCAGCTG	TGCTCCAGAC	TAGAGCCTCC1200
TTACCTATGC	TATGGATTTT	TAATTTATTT	TCTCTTATTT	CATGTACACT	GCTTTTTTTG1260
GTTACAGTGT	ATGATGGATG	TGTATGAAAA	AAATGTATCT	TTGGGAAAAC	AATTACAGTT1320
TGTTAATTTG	•				1330

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:762 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

15

5

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

	GCGGTCGGTA	GTGCGGCGCT	GTTTAAAGAT	GGCGGCGGAG	GAACCTCAGC	AGCAGAAGCA	60
		GGCAGCGACT					120
35	GGCTCAGCAG	GACCGAATTC	AGCAAGAGAT	TGCTGTGCAG	AACCCTCTGG	TGTCAGAGCG	180
	GCTGGAGCTC	TCGGTCCTAT	ACAAGGAGTA.	TGCTGAAGAT	GACAACATCT	ATCAACAGAA	240
	GATCAAGGAC	CTCCACAAAA	AGTACTCGTA	CATCCGCAAG	ACCAGGCCTG	ACGGCAACTG	300
	TTTCTATCGG	GCTTTCGGAT	TCTCCCACTT	GGAGGCACTG	CTGGATGACA	GCAAGGAGTT	360
	GCAGCGGTTC	AAGGCTGTGT	CTGCCAAGAG	CAAGGAAGAC	CTGGTGTCCC	AGGGCTTCAC	420
40	TGAATTCACA	ATTGAGGATT	TCCACAACAC	GTTCATGGAC	CTGATTGAGC	AGGTGGAGAA	480
	GCAGACCTCT	GTCGCCGACC	TGCTGGCCTC	CTTCAATGAC	CAGAGCACCT	CCGACTACCT	540
	TGTGGTCTAC	CTGCGGCTGC	TCACCTCGGG	CTACCTGCAG	CGCGAGAGCA	AGTTCTTCGA	600
	GCACTTCATC	GAGGGTGGAC	GGACTGTCAA	GGAGTTCTGC	CAGCAGGAGG	TGGAGCCCAT	660
	GTGCAAGGAG	AGCGACCACA	TCCACATCAT	TGCGCTGGCC	CAGGCCCTCA	GCGTGTCCAT	720
45	CCAGGTGGAG	TACATGGACC	GCGGCGAGGG	CGGCACCACC	AA		762

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1228 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 10 (vi) HERKUNFT:

. 5

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:
- 20 GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT CTTTGTGTCC TCCATTGGGA TCTATGTTTC TTCCACCTAC CCACCCGTGG CTGGGGCCAC TCTTTACTCA 120 GTGGCAATGT ACGGTGGATT AGTTCTTTTC AGCATGTTCC TTCTGTATGA TACCCAGAAA 180 GTAATCAAGC GTGCAGAAGT ATCACCAATG TATGGAGTTC AAAAATATGA TCCCATTAAC 240 TCGATGCTGA GTATCTACAT GGATACATTA AATATATTTA TGCGAGTTGC AACTATGCTG 300 GCAACTGGAG GCAACAGAAA GAAATGAAGT GACTCAGCTT CTGGCTTCTC TGCTACATCA 360 AATATCTTGT TTAATGGGGC AGATATGCAT TAAATAGTTT GTACAAGCAG CTTTCGTTGA 420 AGTTTAGAAG ATAAGAAACA TGTCATCATA TTTAAATGTT CCGGTAATGT GATGCCTCAG 480 GTCTGCCTTT TTTTCTGGAG AATAAATGCA GTAATCCTCT CCCAAATAAG CACACACATT 540 TTCAATTCTC ATGTTTGAGT GATTTTAAAA TGTTTTGGTG AATGTGAAAA CTAAAGTTTG 600 TGTCATGAGA ATGTAAGTCT TTTTTCTACT TTAAAATTTA GTAGGTTCAC TGAGTAACTA 660 30 AAATTTAGCA AACCTGTGTT TGCATATTTT TTTGGAGTGC AGAATATTGT AATTAATGTC 720 ATAAGTGATT TGGAGCTTTG GTAAAGGGAC CAGAGAGAAG GAGTCACCTG CAGTCTTTTG 780 TTTTTTTAAA TACTTAGAAC TTAGCACTTG TGTTATTGAT TAGTGAGGAG CCAGTAAGAA 840 ACATCTGGGT ATTTGGAAAC AAGTGGTCAT TGTTACATTC ATCTGCTGAA CTTAACAAAA 900 CTGTTCATCC TGAAACAGGC ACAGGTGATG CATTCTCCTG CTGTTGCTTC TCAGTGCTCT 960 35 CTTTCCAATA TAGATGTGGT CATGTTTGAC TTGTACAGAA TGTTAATCAT ACAGAGAATC1020 CTTGATGGAA TTATATGT GTGTTTTACT TTTGAATGTT ACAAAAGGAA ATAACTTTAA1080 AACTATTCTC AAGAGAAAAT ATTCAAAGCA TGAAATATGT TGCTTTTTCC AGAATACAAA1140 CAGTATACTC ATGAAAAAA AATGTTTTTT TATTTTTGCA TATTTATTGA ACTGTCTAAT1200 TGAATACAGC TTGCTCTTGT CACCTCAA 40
  - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:
    - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
      - (A) LÄNGE:914 Basenpaare
      - (B) TYP: Nukleinsäure
      - (C) STRANG: einzel
      - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

120 180 240 300
240 300
300
360
420
480
540
600
660
720
780
840
900
914

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:1126 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

# (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

GAGGCAGCCC TGACACTATG CCACCTGCTG AGCTCCTGGG TGTCACTAGA GAGCCTCACA CTCTCCTACA ATGGCCTGGG CTCTAACATC TTCCGCCTGC TAGACAGCCT GCGGGCCCTG 120 TCAGGCCAGG CTGGATGTCG CCTCCGTGCC CTGCATCTCA GTGACCTGTT CTCACCACTG 180 CCCATCCTGG AGCTGACACG TGCTATCGTG CGAGCACTGC CCCTGCTACG GGTCCTCTCT 240 ATTCGTGTTG ACCACCCAAG CCAGCGGAC AACCCTGGTG TGCCAGGGAA TGCAGGGCCC 300 CCTAGCCACA TAATAGGCGA TGAGGAGATA CCAGAAAACT GCCTGGAGCA GTTGGAGATG 360 GGNATTTCCA CGGGGAGCCC AGCCAGCCCC ACTGCTGTGC TCCGTTCTGA AGGCCTCGGG 420 TTCTCTGCAG CAGCTGTCCC TGGATAGTGC CACCTTTGCC TCTCCCCAGG ATTTTGGGCT 480 TGTTTTGCAA ACACTCAAAG AGTACAACCT AGCCCTGAAA AGACTGAGCT TCCATGACAT 540 GAATCTCGCT GACTGTCAGA GCGAGGTGCT CTTTTTGCTA CAGAATCTGA CTCTGCAAGA 600 15 GATTACCTTC TCCTTCTGCC GTCTGTTTGA GAAGCGCCCA GCCCAATTTC TGCCTGAGAT 660 GGTTGCTGCT ATGAAGGGCA ACTCCACACT GAAGGGCCTC CGGCTGCCAG GGAACCGCCT 720 GGGGAATGCT GGCCTGCTGG CCTTGGCAGA TGTTTTCTCA GAGGATTCAT CCTCCTCTCT 780 CTGTCAGCTG GACATCAGTT CCAACTGCAT CAAGCCAGAT GGGCTTCTGG AGTTCGCCAA 840 GCGGCTGGAG CGCTGGGGCC GTGGAGCCTT TGGTCACCTG CGCCTCTTCC AAAACTGGCT 900 20 GGACCAGGAT GCAGTCACAG CCAGGGAAGC CATCCGGCGG CTCCGGGCTA CCTGCCATGT 960 GGTTAGCGAC TCATGGGACT CATCCCAGGC CTTCGCAGAT TATGTTAGCA CCATGTGATG1020 GGGCCCGTAC CTCACAGTCT CATGCTCGGT ACCATCAGCT TGCAGGGGCT GAAGCATGGG1080 CTGCCCAGAA CCCCAACCAC CAGTTCTATC TTTCTCTTTC TGTGAC

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:538 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:

25

30

45

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

TAGACCACTG AGGAGACCAT AGAGCGGATG CTTTCATGCA CCCTTTACTG CACTTTCTGA 60 CCAGGAGCTA CTTTGAGTTT GGTGTTACTA GGATCAGGGT CAGTCTTTGG CTTATCAATA 120 AATTTTAATC TCTGTTAATC TTACCTGCTT TAAAAAAAAAG TTCTTGTGTG TTCGTATCTT 180

TATTTATTCC	CTAGTTTGCA	GAACTGTCTG	AATAAAGGAT	ACAAGGATTA	TTTCAATGTT	240
ACTGCACTGA	AAAACGTGTA	TGTATTAGTG	TGCTAGATTA	TTTAGCAGAA	TATTCACAAG	300
TTTCTGTTGA	CCTTGTTGAT	TGAGCATGAC	TACTAAATAT	TATGTAATAA	AAAGCATTTG	360
TCATAACAGT	CTTATGAAGT	<b>AGTTCTTCGA</b>	ATATAGAAAG	TTCTATAATT	TAGCCCATGA	420
AATGATAGGT	TTTTAATTTT	CAGAAATGGA	GCTGCATGTA	GAATGAGATC	ACATGCTTTT	480
ATATGTGAAA	TATTGGTTTT	AGCAATTAAC	AGAAGGCATA	CTTTGCTAAT	TTTATGGC	538

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:321 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

/ii) MOLEKÜLTVD: Aus

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

25

15

10.

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

CCCTACAACT	GGTTGCAAAC	TCAGGCTTTC	CCCAGTGACC	AACAATTTTA	ATTCCAAGAG	60
GTGAGGATCT	CAGGAGGTGG	CATTCACCCA	CCAGGGAGCT	AGGGAAAGGG	AACCAAGCTG	120
TCTCCACACC	CAGGAGAGGT	GTCCCTCCAG	CCAAGGCAGG	CAGGACACTC	TGCAGCTCTC	180
CCTCCTGTGC	CCAGGCCCTT	GACTACACTC	TCATCTGCCA	TCTGAGCTAA	GCCAGGAAGG	240
CAGTTAAAGA	AAGGCCCCCA	AACATGAAGC	AGGGACAAGG	AGACGGACAG	GGGTCAGATG	300
ACCCATTGAT	AGGGAAGAGA	G				321

- 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:847 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii)	AN	TI-S	SEN	SE:	NE	IN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

# (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

5

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

	AGACAAATCT	TCTGCATGTC	GGAGGAACGG	GAATTATTCT	GATGAAAAGA	AAGATGCTAT	60
15	GTATTGGGAA	AAAAGGCGGA	<b>AAAATAATGA</b>	AGCTGCCAAA	AGATCTCGTG	AGAAGCGTCG	120
	ACTGAATGAC	CTGGTTTTAG	AGAACAAACT	AATTGCACTG	GGAGAAGAAA	ACGCCACTTT	180
•	AAAAGCTGAG	CTGCTTTCAC	TAAAATTAAA	GTTTGGTTTA	ATTAGCTCCA	CAGCATATGC	240
	TCAAGAGATT	CAGAAACTCA	GTAATTCTAC	AGCTGTGTAC	TTTCAAGATT	ACCAGACTTC	300
	CAAATCCAAT	GTGAGTTCAT	TTGTGGACGA	GCACGAACCC	TCGATGGTGT	CAAGTAGTTG	360
20	TATTTCTGTC	ATTAAACACT	CTCCACAAAG	CTCGCTGTCC	GATGTTTCAG	AAGTGTCCTC	420
	AGTAGAACAC	ACGCAGGAGA	GCTCTGTGCA	GGGAAGCTGC	AGAAGTCCTG	AAAACAAGTT	480
	CCAGATTATC	AAGCAAGAGC	CGATGGAATT	AGAGAGCTAC	ACAAGGGAGC	CAAGAGATGA	540
	CCGAGGCTCT	TACACAGCGT	CCATCTATCA	AAACTATATG	GGGAATTCTT	TCTCTGGGTA	600
	CTCACACTCT	CCCCCACTAC	TGCAAGTCAA	CCGATCCTCC	AGCAACTCCC	CGAGAACGTC	660
25	GGAAACTGAT	GATGGTGTGG	TAGGAAAGTC	ATCTGATGGA	GAAGACGAGC	AACAGGTCCC	720.
	CAAGGGCCCC	ATCCATTCTC	CAGTTGAACT	CAAGCATGTG	CATGCAACTG	TGGTTAAAGT	780
•	TCCAGAAGTG	AATTCCTCTG	CCTTGCCACA	CAAGCTCCGG	ATCAAAGCCA	AAGCCATGCA	840
	GATCAAA :						847

# 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:573 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40

50

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

	GGAGGCTGCT	GGGGGCGCG	CGTCCAGCTC	TGGGCCAGGG	GGTCCAAAGT	GCTCAGCCCC	60
5	CGGGGCACAG	CAGGACGTTT	GGGGGCCTTC	TTTCAGCAGG	GGACAGCCCG	ATTGGGGACA	120
	ATGGCGTCTC	TTGGCCACAT	CTTGGTTTTC	TGTGTGGGTC	TCCTCACCAT	GGCCAAGGCA	180
	GAAAGTCCAA	AGGAACACGA	CCCGTTCACT	TACGACTACC	AGTCCCTGCA	GATCGGAGGC	240
	CTCGTCATCG	CCGGGATCCT	CTTCATCCTG	GGCATCCTCA	TCGTGCTGAG	CAGAAGATGC	300
	CGGTGCAAGT	TCAACCAGCA	GCAGAGGACT	GGGGAACCCG	ATGAAGAGGA	GGGAACTTTC	360
10	CGCAGCTCCA	TCCGCCGTCT	GTCCACCCGC	AGGCGGTAGA	<b>AACACCTGGA</b>	GCGATGGAAT	420
	CCGGCCAGGA	CTCCCCTGGC	ACCTGACATC	TCCCACGCTC	CACCTGCGCG	CCCACGGGCC	480
	CCTCCGCCGC	CCCTTCCCCA	GCCCTGCCCC	CGCAGACTCC	CCCTGCCGCC	AAGACTTCCA	540
	ATAAAACGTG	CGTTCCTCTC	GACAAAAAA	AAA			573

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

# (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:486 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 30 (vi) HERKUNFT:

20

25

35

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

40	GCCGCACGGC	TTGCTGGGGC	TGGGCTCTTC	CTCGCGGAAG	TGGGGAGGAG	GCGGTTGCGG	60
	TTAGTGGACC	GGGACCGGTA	GGGGTGCTGT	TGCCATCATG	GCTGACCCCG	ACCCCCGGTA	.120
	CCCTCGCTCC	TCGATCGAGG	ACGACTTCAA	CTATGGCAGC	AGCGTGGCCT	CCGCCACCGT	180
	GCACATCCGA	ATGGCCTTTC	TGAGAAAAGT	CTACAGCATT	CTTTCTCTGC	AGGTTCTCTT	240
	AACTACAGTG	ACTTCAACAG	TTTTTTTATA	CTTTGAGTCT	GTACGGACAT	TTGTACATGA	300
45	GAGTCCTGCC	TTAATTTTGC	TGTTTGCCCT	CGGATCTCTG	GGTTTGATTT	TTGCGTTGAC	360
	TTTAAACAGA	CATAAGTATC	CCCTTAACCT	GTACCTACTT	TTTGGATTTA	CGCTGTTGGÀ	420
	AGCTCTGACT	GTGGCAGTTG	TTGTTACTTC	TATGATGTAT	ATATTATCTG	CAAGCTTTCA	480
	TACTGA						486

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:662 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

. 10

5

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 15 (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

	CTTTTTTCCT	CTACTCCTTC	CCCTTCACAC	CCCCGTGGCT	GGAAGGAACC	TCGGCTTCCC	60
	TGAAAGCTTG	GGGGTCCCAC	CCTTCTTACC	CCACCCGGGA	GGAACGCCCA	GGGCCCCGGG	120
25	CTTGTTTCTC	CTCTTGTTTT	CCTTTTGGGC	<b>AGTTTGATCA</b>	CTGATCGAGT	AAGGAATGAC	180
	CTTTAGATTG	TGCGACTTTT	GTTTTTGTTT	TTTTAAATTT	TTTTAAACCA	AGAATGATTT	240
	CTCCTGCTTC	CTTCTCCTCA	CCATCTTCCC	AGACGGAGTT	CAAAGGCCAC	TTCTCAAGCA	300
	GCTTTTGGCA	CCTTCAGCCT	CAGAGTGGAA	TCTTTTAAAG	ACAGGACCCC	TATGTCCAGG	360
	AAAGGGGAAA	AGGAACTTTG	CCAATGATAG	TGACCACAGC	AAAAGCAATA	AAATAATAAA	420
30	АТААААААСА	ATAGCACAGC	CCTTGTTGAG	GTCAGCAGGG	AGGAGGGGCT	GCCCGGAGTT	480
	GGGTCCTTGC	CTGGATTTTG	ACACAGCAAC	TTCCTGTAGT	GAGCACTTTG	TATGAATCGT	540
	GGACTTCCTG	TTCTCAAGGC	GCAGGTATTT	ATTCTGTATC	TGTCTAGAGC	ACACACCAAA	600
	ATCCAACCTT	CTAATAAACA	TGATGGCGCA	GTCCCAAAAA	AGGAAACAGA	AGAAGAAAAG	660
	GG	•		4	• •		662

-35

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:750 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

# (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

·10	ATAGATTTTG	AGGGGAAGGA	GAGAGGGAAG	GGTCAGGGTA	GAGACACCCC	TCCCTTGCCC	60
	CTTTCCTGGG	CCCAGAAGTT	GGGGGGAGGG	AGGGAAAGGA	TTTTTACATT	TTTTAAACTG	120
	CTATTTTCTG	AATGGAACAA	GCTGGGCCAA	GGGGCCCAGG	CCCTGTCCTC	TGTCCCTCAC	- 180
	ACCCCTTTGC	TCCGTTCATT	CATTCAAAAA	AACATTTCTT	GAGCACCTTC	TGTGCCCAGC	240
• *	ATATGCTAGG	CCCACCAGCT	<b>AAGTGTGTGT</b>	GGGGGGTCTC	TACGCCAGCT	CATCAGTGCC	300
15	TCCTTGCCCA	TCCTTCACCG	GTGCCTTTGG	GGGATCTGTA	GGAGGTGGGA	CCTTCTGTGG	360
	GGTTTGGGGA	TCTCCAGGAA	GCCCGACCAA	GCTGTCCCCT	TCCCCTGTGC	CAACCCATCT	420
	CCTACAGCCC	CCTGCCTGAT	CCCCTGCTGG	CTGGGGGCAG	CTCCCAGGAT	ATCCTGCCTT	480
	CCAACTGTTT	CTGAAGCCCC	TCCTCCTAAC	ATGGCGATTC	CGGAGGTCAA	GGCCTTGGGC	540
	TCTCCCCAGG	GTCTAACGGT	TAAGGGGACC	CACATACCAG	TGCCAAGGGG	GATGTCAAGT	600
20	GGTGATGTCG	TTGTGCTCCC	CTCCCCCAGA	GCGGGTGGGC	GGGGGGTGAA	TATGGTTGGC	660
	CTGCATCAGG	TGGCCTTCCC	ATTTAAGTGC	CTTCTCTGTG	ACTGAGAGCC	CTAGTGTGAT	720
•	GAGAACTAAA	GAGAAAGCCA	GACCCCTAAA	,	•		750

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

25

# (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1001 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 30 (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

	GGGGGAGAGA	GGGAGGCCTT	TGGGCGGTGG	GGGCCACGGG	GAGGGTGGTC	CTCGGACTAC	60
50	GTGCGGGACA	GGAGGTCAGG	GCTGGCAAGT	CCCTCAGGCC	TCCCTCGTTG	CCCCAGCCTC	120
	GCGGGCCGCC	TAACTGCCCC	GTTCCAAGGG	TGCCACCGGA	CCCCGCTGGA	GAGGAACTTC	180
	TCCGTTGGCT	GATTTCATCA	CCACCCATTC	CCGATTCCAC	GTTTCCTTTA	AGCGGGGCTG	240

	GCGGAGCGCA	AGGGGGCAAG	GAACTGGATT	GCGATTGGTC	AGCACGTGCC	TCGGTCGGCG	300
	GTACAATTGG	CTGAGGCGCT	GGGCCTTGGG	AAGCATTCCC	CGACGGGATT	GGTCGTCGCT	360
	CTCGCAGAGC	CCGCCTCCCG	CAGTACAAGC	GGCCCCCGGG	TGGGGGGGA	GGAGGGGACT	420
	CCGGGAGGAG	GAACATGGCG	GTGGCGGACC	TCGCTCTCAT	TCCTGATGTG	GACATCGACT	480
5	CCGACGGCGT	CTTCAAGTAT	GTGCTGATCC	GAGTCCACTC	GGCTCCCCGC	TCCGGGGCTC	540
	CGGCTGCAGA	GAGCAAGGAG	ATCGTGCGCG	GCTACAAGTG	GGCTGAGTAC	CATGCGGACA	600
	TCTACGACAA	AGTGTCGGGC	GACATGCAGA	AGCAAGGCTG	CGACTGTGAG	TGTCTGGGCG	660
•	GCGGGCGCAT	CTCCCACCAG	AGTCAGGACA	AGAAGATTCA	CGTGTACGGC	TATTCCATGG-	720
	CCTATGGTCC	TGCCCAGCAC	GCCATTTCAA	CTGAGAAAAT	CAAAGCCAAG	TACCCCGACT	780
10	ACGAGGTCAC	CTGGGCTAAC	GACGGCTACT	GAGCACTCCC	AGCCCGGGGC	CTGCTGCCTC	840
	CAGCAGCCAC	TTCAGAGCCC	CCGCCTTTGC	CTGCACTCCT	CTTGCAGGGC	TGGCCCTGCC	900
	TGCTCCTGCG	GCAGCCTCTG	GTGACGTGCT	GTCCACCAGG	CCTTGGAGAC	AGGCTAGCCT	960
	GGCCACAGAA	TTAAACGTGT	TGCCACACCT	GCCGGCTTCT	G .	. 1	.001

# 15 (2) INFORMATION ÜBER SEĞ ID NO: 23:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:580 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 30 (vi) HERKUNFT:

20

25

35

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

40	CGAAACGTGC	GCAGGCGCCG	GCCGCTGCGC	TGCAGATGGC	GGAAATGGAT	CCGGTAGCCG	60
	AGTTCCCCCA	GCCTCCCGGT	GCTGCGCGCT	GGGCTGAGGC	CCTTCTGCGA	TGTTTTACCT	120
•	GGCTGCGGCT	GTGTCAGATT	TCTATGTTCC	TGTCTCTGAA	ATGCCTGAAC	ACAAGATCCA	180
	GTCATCTGGG	GGCCCACTGC	AGATAACAAT	GAAGATGGTG	CCAAAACTGC	TTTCTCCTTT	240
	GGTTAAAGAT	TGGGCTCCCA	AAGCATTTAT	AATTTCCTTT	<b>AAGTTGGAGA</b>	CTGACCCCGC	300
45	CATTGTAATT	AATCGAGCTC	GGAAGGCTTT	GGAAATTTAT	CAGCATCAAG	TGGTGGTGGC	360
	TAATATCCTT	GAGTCACGAC	AGTCCTTTGT	GTTTATTGTA	ACCAAAGACT	CGGAAACCAA	420
	GTTATTGCTA	TCAGAGGAAG	AAATAGAAAA	AGGCGTAGAG	ATAGAAGAGA	AGATAGTGGA	480
	TAATCTTCAG	TCTCGACACA	CAGCTTTTAT	AGGTGACAGA	<b>AACTGAAGTA</b>	AAAAGCCCTT	540
,	ATAGGATCAA	<b>AAATTGTTCA</b>	GGGCTCTTAG	AGATGGTGAA	•		580

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:740 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

15

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

	GGATGCGTGG	CGGGGAGCGC	CGGGCTCTCC	CGGAAGTCTC	CCTGGACGGA	AGTGGAAACG	60
	GAAACCTTTT	TAGGGAGTCC	AAGGTACAGT	CGCCGCGTGC	GGAGTTGTTA	CTGGTTACTT	120
25	GGCCTCATGG	CGGTCCGAGC	TTCGTTCGAG	AACAACTGTG	AGATCGGCTG	CTTTGCCAAG	180
	CTCACCAACA	CCTACTGTCT	GGTAGCGATC	GGAGGCTCAG	AGAACTTCTA	CAGTGTGTTC	240
٠,	GAGGGCGAGC	TCTCCGATAC	CATCCCCGTG	GTGCACGCGT	CTATCGCCGG	CTGCCGCATC	300
	ATCGGGCGCA	TGTGTGTGGG	GAACAGGCAC	GGTCTCCTGG	TACCCAACAA	TACCACCGAC	360
	CAGGAGCTGC	AACACATTCG	CAACAGCCTC	CCAGACACAG	TGCAGATTAG	GCGGGTGGAG	420
30	GAGCGGCTCT	CAGCCTTGGG	CAATGTCACC	ACCTGCAATG	ACTACGTGGC	CTTGGTCCAC	480
	CCAGACTTGG	ACAGGGAGAC	AGAAGAAATT	CTGGCAGATG	TGCTCAAGGT	GGAAGTCTTC	540
	AGACAGACAG	TGGCCGACCA	GGTGCTAGTA	GGAAGCTACT	GTGTCTTCAG	CAATCAGGGA	600
	GGGCTGGTGC	ATCCCAAGAC	TTCAATTGAA	GACCAGGATG	AGTGTCTCTC	TTTTCAAGTC	660
	CCTTGTTGCG	GGGATGTGAA	CGAAGCATTA	AGTGATTCTT	GGGATGTGTA	TAATGTGTCC	720
35	TTCGTGCCTG	AAACCACCAG			•	•	740

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:975 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

# (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

	( · · · / · · · · · · · ·						
10						•	
	ATGGGCTACA	ACCTGAGCCC	CCAGTTCACC	CAGCTTCTGG	TCTCCCGCTA	CTGCCCACGC	60
•	TCTGCCAATC	CTGCCATGCA	GCTTGACCGC	TTCATCCAGG	TGTGCACCCA	GCTGCAGGTG	120
	CTGACAGAGG	CCTTCCGGGA	GAAGGACACA	GCTGTACAAG	GCAACATCCG	GCTCAGCTTC	180
	GAGGACTTCG	TCACCATGAC	AGCTTCTCGG	ATGCTATGAC	CCAACCATCT	GTGGAGAGTG	240
15	GAGTGCACCA	GGGACCTTTC	CTGGCTTCTT	AGAGTGAGAG	AAGTATGTGG	ACATCTCTTC	300
	TTTTCCTGTC	CCTCTAGAAG	AACATTCTCC	CTTGCTTGAT	GCAACACTGT	TCCAAAAGAG	360
	GGTGGAGAGT	CCTGCATCAT	AGCCACCAAA	TAGTGAGGAC	CGGGGCTGAG	GCCACACAGA	420
	TAGGGGCCTG	ATGGAGGAGA	GGATAGAAGT	TGAATGTCCT	GATGGCCATG	AGCAGTTGAG	480
	TGGCACAGCC	TGGCACCAGG	AGCAGGTCCT	TGTAATGGAG	TTAGTGTCCA	GTCAGCTGAG	540
20	CTCCACCCTG	ATGCCAGTGG	TGAGTGTTCA	TCGGCCTGTT	ACCGTTAGTA	CCTGTGTTCC	600
	CTCACCAGGC	CATCCTGTCA	<b>AACGAGCCCA</b>	TTTTCTCCAA	AGTGGAATCT	GACCAAGCAT	660
1	GAGAGAGATC	TGTCTATGGG	ACCAGTGGCT	TGGATTCTGC	CACACCCATA	AATCCTTGTG	720
	TGTTAACTTC	TAGCTGCCTG	GGGCTGGCCC	TGCTCAGACA	AATCTGCTCC	CTGGGCATCT	780
	TTGGCCAGGC	TTCTGCCCTC	TGCAGCTGGG	ACCCCTCACT	TGCCTGCCAT	GCTCTGCTCG	840
25	GCTTCAGTCT	CCAGGAGACA	GTGGTCACCT	CTCCCTGCCA	ATACTTTTTT	TAATTTGCAT	900
	TTTTTTTCAT	TTGGGGCCAA	AAGTCCAGTG	AAATTGTAAG	CTTCAATAAA	AGGATGAAAC	960
	TCTGGAAAAA	AAAAA	•				975

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

30

35

40

# (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:854 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

WO 99/46375 120 PCT/DE99/00722

```
GAACACACA ACAGGTGTTC TGACCAGCTC AGGCTTGCCA CAGTGAGCAA CTCTGTGGCT
                                                                          60
    AGCAAAAGAG AAGTTTATTT GTGCCCAGCC ATTGGTCACC TTGGGTGATG CACCAGATAG
                                                                         120
    CAGGCAGATG TTGGTTCATT GGCCTTCGTC CTCTTTCCTC CTAAAATAAT ATTGGCTTTA
                                                                         180
    CCATCTTAAC TCAGCTGTGG GTTTTTTGTG GGTTCTTGTT TGTTTTTTGG CATGAATTGT
    CATCTTTGGT GTTTTTTTAA CCCCCAGCCC CTCAAAAAAA TAAGGCCTCC AGGTATCAAG
    ATCTCATATT AGGATTTTCT GTCCTTAATT TTTTGAGCAA AATCTGGAAA ATGTGAAAGC
                                                                         360
    ATATTTAGAT TTTATATACT ATCTGAAATG TGATTTGTTA AGATTCTTAA ATTTGGGCCT
                                                                         420
    CTTAGAATAA TTTTGAATGA GATCTACCGA CTCACTTGTG AGAATATTTT TCACAGATTA
10
    TCTTTGGGCC TTTTCATTAG AAAGCTGTTT GTTTGTCCCC CTGTTGGTAC ATTTGGTTAC
    CTCATTTTGC CGTTTCAGAT TGTGAAAGCT CACAGGGGTG TTTTTTGGAA TCATTTGCTG
    AGTCATTTTC TCAAATCATA TTCCATTGTA TCAGTTAACA TATAGTTTTA AATGTATGTA
    TTATAAATAT CTGTAACCAA ATCATTTGAA GGCTTGATAA ATTTTTAACA AAGTTTGTAC
    ATTTTTTATG AAAGTTACTA GTAATGCTTT ACTAAGTAGT GCAATGAATT TTTATTTTTA
                                                                         780
15
    ATCCCTGTGC CCAATTTTGG AGTTGAGAGG GTTGTTGGTA ATAAATGTAT GATGTACACT
                                                                         840
    TAAAAAAAA AAAA
                                                                         .854
```

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:802 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

25

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

35

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

	TTTTTTTCAG	AGTGCTAGGG	CTTTATTACA	AATGGAGTTG	ACTGCTAGAG	AGGCCCTTCT	60
	CCAATCTTTC	TTCTGTACCT	TCTTCCCTCC	CAAAGACATC	CCTCTAGGGG	AGGTCAGTAG	120
45	GCCATTAGGT	AGGAGGAAAT	CTGGAGAGTG	AAAAGGGGCC	TTGCTTTTGT	CAAAGTCCTC	180
	TGAAACAACC	ACTGAGTCTG	AAGGCTGGCT	CCAGTTGAGA	ATCTTCTAGT	GGAAGAGGTT	240
	TAGCTCTCAT	CTTCAAGGTC	CTTCATTTCT	ACATCCTGGG	GGGCTTTTGT	CTTCTTTTGC	300
	CTTTTGAGCT	GTGGTTCACT	AGTCCTGGCT	GGCTTTGAAG	GGGCTTCCAC	TTCCATGGCT	360
:	GTCTTCTCTT	TCTGGGCAAG	CCGGATCTGC	TGGAGGAGTT	TTCTGCGCTT	CTTCCCTGAC	420
50	AGTGTAATGT	TGGCACGTGC	ACTGGACGCC	CGCTTCTTGA	GGTGGTGCCG	CGTGATCAGC	480
	CCTTGGTCTA	TCACAGCCCC	GAÇCACCCGG	TGCCTCAGAC	GCCGCTCCCG	ATTCAACACC	540
	CGCCGGCGTT	TGAACAGCTT	CTTCTTCAGC	TCCGTTCGGG	GCCGGTTGAT	CTTTCCCCCC	600
	GGAGCTCCCA	TAGTCGCGAT	TCCACTCCAG	TTCACGGTCC	GTACTTCCGC	TCAGCGCCGG	660
	ATCCGCGGGC	TCCGCCCCGG	CCTTCCGCGG	GCCAATCGCA	ACTCGGGGGC	GGGTCCTCGG	720

GCTATATAAA GGAGCTCCGC GG TGGTTTTAGC TGTAGTAGCC AG		GCCTTTCGGA	GGGTGGTGAG	CTAGTAAGTG	780 802
TOGITITAGE TOTAGIAGEE AG	•				0 Ų Z
(2) INFORMATION ÜBER SE	Q ID NO: 2	29:			
(i) SEQUENZ CHARAKTE	RISTIK:				
(A) LÄNGE:807 Basenr					
(B) TYP: Nukleinsäure			•		
(C) STRANG: einzel			•		
(D) TOPOLOGIE: linear	r		•	•	
(") MOLEKÜL TVD. A					
(ii) MOLEKÜLTYP: Aus ein	zeinen ES	Is durch Asse	emblierung un	d Editierung	
hergestellte partielle cDNAs		•			
/:::\ LIVDOTHETICOLL MEIN				_	
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN		-			
(iii) ANTI-SENSE: NEIN			•		
(III) ANTI-SENSE: NEIN					
(vi) HERKUNFT:		•			
	MOOLI		•	•	
(A) ORGANISMUS: ME (C) ORGAN:	:NOCH	•			
(C) ORGAN.	•		•		
(vii) SONSTIGE HERKUNF	т. ·	•	•		
(A) BIBLIOTHEK: cDNA		•	· .		
(A) DIDEIO ITIER. CDIVA	Tiblaly .	•			
(xi) SEQUENZ-BESCHREII	BUNG: SE	Q ID NO: 29:	· ·		
CCCCGTCCGC GCGTGGTGGC TG	CTGCTGTG	CATGTCCCTG	CGATGGGAGT	CTTGTGCCCA	60
GCCTGTCAGT TTCCTCCCCA GG	GCAGAGCT	CCCCTTCCTG	CAAGAGTCTG	GGAGGCGGTG	120
CAGGCTGTCC TGGCTGCTCT GG					180
GGTCTGGGCG GCACCACTGG GA					240
GAATGTGTGA GTTCACCCAG AG GATGGAGGGA GACACCTCCT CA					300 360
ATGGGCGGAT GCCGGGCATG AG				•	420
GTCTCTGTCG TGTGGGTGCC AA					480
GGACACCAAC TGTGTCCTGT GA					540
CCATGTCTTA GGTGCAGCTG TG					600
TCGGTGTCTC GGGCCACCAT CC GTGAGCCCCG GGCCGTGCAT CC					660 720
AGCTGCTTCA GTGAATGTAC AG					780
ATAAAAGGTT GACAGGGAAA AA	AAAAA			1001010001	807
(2) INFORMATION ÜBER SE	Q ID NO: 3	30:			
(1) 0501/51/5 011/5					
(i) SEQUENZ CHARAKTE					
(A) LÄNGE:777 Basen	oaare	,	•		
(B) TYP: Nukleinsäure			•		
(C) STRANG: einzel					
(D) TOPOLOGIE: linea	r				

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

5

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

	CTCTCTGCCA	GCTGATGTGC	CCTGTTGCCC	CCCACCCCAT	CCCGCACAGA	ACCATCCCTG	60
	CATTCCACAG	GGGACTCGGG	CAAGGGTGCC	GAAGATAGAC	AAGAGGCACA	CAGAGACAGA	120
20	CCAACTGGCA	GCCAGGCAGC	CCCAGAGGAG	AGAGACATTC	AGACAGAGGA	AAGTCTCCCT	180
	GCCCCTCATT.	CCTTCCAAGA	TGAGAAAAAC	TTGCCGCCAC	CCCCGACAC	TGATGCCAGG	240
	GAGGTGGGAG	GAAGAAGTGG	GAAATTTCCC	TTCCCAGTAC	CCCCAAGAAC	GTCTGAGCCT	300
	TCAATGTTGA	ATTTTTTCTT	TATTAAAATT	ACTTTTATCT	TATAAAATCA	ACTAATCAAA	360
	AATGATATAG	ACGACAGCAC	TGGCTCTGTG	AAGGTGGCAT	CTTTCTGGGC	AGGCAGGCCA	420
25	TGGGGCATGG	AGGAGGGTGC	AAAGATATGG	GTTGCTGTCT	TCTGGCCTCC	AGCTGCATGG	480
	AGGCCGGCCC	AGGGTCTAGG	GTGTGCACTG	GGCAAGGGCA	GGGCGGCAGG	TGTCAGGCCG	540
	GCTTGGACAA	TGAAACCCTG	ACCTTGCTGC	ATTCCTTTTG	CTTCCACCAC	CACTAGCTTC	600
. •	TTTGGAATCT	TGGGGTGGG	GTCATCTTTG	GGGATTATGG	CTGCCACCCG	GGATTTGAGT	660
	GTAGGGAGTG	TGGGAGCAGC	CTTGGCAGAT	GGGGCACCCG	TGCCCTGCAG	GTGTTGACAA	720
30	GATCCGCCAT	CTGTAATGTC	CTTGGCACAA	TAAAACCAAA	TGTCAGTTTC	AAAAAA	777

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:501 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:

50

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10.

15

20

30

35

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

CCGGATTCCG CCCCGCCCGC TGCGATCCGG TTCCGCTCCC CACAACCCGC TCTGTGGCGG GGCTTCCGGT CGGGAGGGTC CGCCAGCTCT CGCGTCCTTT GCTGGGTCCA GACACCGGTT 120 CCGTTGCAAA CATTTTTAAA GGGCTGGTTA TTCTTCCTGA AATGAGTTTG GTGATTAGAA 180 ATCTGCAGCG AGTCATCCCC ATCAGGAGAG CGCCACTTCG CAGTAAGATC GAGATTGTAA 240 GGAGGATTTT AGGAGTGCAG AAATTTGACC TGGGGATCAT CTGTGTTGAC AACAAGAATA 300 TTCAGCACAT TAATAGAATC TACAGAGATA GAAATGTCCC AACCGATGTG CTTTCTTTTC 360 CATTTCATGA GCATCTGAAA GCAGGTGAAT TTCCCCAGCC TGATTTTCCA GATGACTACA 420 ATTTGGGAGA CATTTTCCTA GGAGTGGAGT ATATCTTCCA TCAGTGTAGA GAAGATGAAG 480 501 ATTACAATGA CGTCCTGACT G

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1104 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

ATTTTGACCC TAAACTTTTG GAAGGAAAAG TAAAGGAGGA TCCTGACCAG GGGAATCCA 60
TGAAACCTTT AACCTTTGCA AGGTTCTACT TGCCAATTCT GGTTCCCAGC GCAAAGAAGG 120
CCATATACAT GGATGATGAT GTAATTGTGC AAGGTGATAT TCTTGCCTT TACAATACAG 180
CACTGAAGCC AGGACATGCA GCTGCATTTT CAGAAGATTG TGATTCAGCC TCTACTAAAG 240
AAAGAATTCG TGGAGCAGGA AACCAGTACA ATTACATTGG CTATCTTGAC TATAAAAAAGG 300
AAAGAATTCG TAAGCTTTCC ATGAAAGCCA GCACTTGCTC ATTTAATCCT GGAGTTTTTG 360
AACTCAATGT AGAAGAGGGA CTGTATAGCA GAACCCTGGC TGGTAGCATC ACAACACCTC 480
CTCTGCTTAT CGTATTTTAT CAACAGCACT CTACCATCGA TCCTATGTGG AATGTCCGCC 540
ACCTTGGATC CAGTGCTGGA AAACGATATT CACCTCAGTT TGTAAAGGCT GCCAAGTTAC 600
TCCATTGGAA TGGACATTTG AAGCCATGGG GAAGGACTGC TTCATATACT GATGTTTGGG 660
AAAAATGGTA TATTCCAGAC CCAACAGGCA AATTCAACCT AATCCGAAGA TATACCGAGA 720
TCTCAAACAT AAAGTGAAAC AGAATTTGAA CTGTAAGCAA GCATTTCTCA GGAAGTCCTG 780

GAAGATAGCA	TGCGTGGGAA	GTAACAGTTG	CTAGGCTTCA	ATGCCTATCG	GTAGCAAGCC	840
ATGGAAAAAG	ATGTGTCAGC	TAGGTAAAGA	TGACAAACTG	CCCTGTCTGG	CAGTCAGCTT	900
CCCAGACAGA	CTATAGACTA	TAAATATGTC	TCCATCTGCC	TTACCAAGTG	TTTTCTTACT	960
ACAATGCTGA	ATGACTGGAA	AGAAGAACTG	ATATGGCTAG	TTCAGCTAGC	TGGTACAGAT	1020
AATTCAAAAC	TGCTGTTGGT	TTTAATTTTG	TAACCTGTGG	CCTGATCTGT	AAATAAAACT1	080
TACATTTTTC	AAAAAAAA	AAAA			. 1	104

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:810 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

25

. 5

10

15

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

	GCCATCCTTT	ATCATCCACA	GCAATCCCAT	CTGGTTGGGA	GCACTGCTCT	GGGTCTCACA	60
	CTGCCCCTCC	TCTATCCTAG	GGAGCCTGAG	GCCCAGGGGT	GGAAAGATCC	AGTTGCGGGT	120
35	GGGGGGTAGT	GAACCGTGCA	GGATAATGAA	AGCAACTTGC	TTTGGAAATG	ACCTACCGCT	180
	ACCCGTTGTC	TGAGACTGAG	ATTATCTCAG	ACTGTCTTCT	GGCTTCTGCC	AAAACACTCC	240
	CTTAACAGAA	AGCACCGAGG	GGATGGGGGT	AGGGGGGTTG	GGGAGAGTGA	GGCTTGAGTG	300
	TGAAGGAAGT	CTCATATATG	CAGAGCTGAA	ATCTCCCTCT	TTGTATGTCC	ACACTTTTGT	360
	CTTGTTCTCT	AGACTGATTC	TTGCTATTCC	AAATCCTCTT	CCACGTTGAC	AGCCCTTCAG	420
40	ATATTTCAAC	ACTCCTCTCA	GCATCCTCCA	CTTCCCCCAT	CTCTCCAAGC	TGAACTTGGT	480
	TCACAGGGTG	<b>GGATTGTGTA</b>	TGTGCATGCA	GGAGGTGGGG	GTGGACAGTG	CCCTGGGCTG	540
	GAATCCCCCT	TAGTTCTAAG	TGCCTCCTTG	CCCGCAGCTT	CGAGAGCTGT	GCCCAGGAGT	600
	GAACAACCAG	CCCTACCTCT	GTGAGAGTGG	TCACTGCTGC	GGGGAGACTG	GCTGCTGCAC	660
	CTACTACTAT	GAGCTCTGGT	GGTTCTGGCT	GCTCTGGACT	GTCCTCATCC	TCTTTAGCTG	720
45	CTGTTGCGCC	TTCCGCCACC	GACGAGCTAA	ACTCAGGCTG	CAACAACAGC	AGCGGCACGT	780
	GGAAATCAAC	TTGTTGGCCT	ATCATGGGGC	•			810
					•		

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:826 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
  - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

20			,				-
	TGGAAATCAT	GGCAACTACA	CAGGATGTTG	CTTACCAGGA	CGGAGTTTTG	GTATCTTAGT	60
	ACTGAAGTTA	GCACTATGTT	TACATGCAAA	<b>AGATTAAGGA</b>	AAAAACCCTT	AAAGTGGACA .	120
	GGTATCCAAA	GTTCATTTTC	TGTGACTCAT	CAAAGTGACA	AAAGACTTGT	AACAACTTTG	180
•	CCTGGACTTT	TTTCATTTTA	CAACAGTTCA	TCCATTCACA	ATGATTTTGT	TCTCTGCTCC	240
25	ATATTTTTA	ATCCCTTAAG	CATTTGATGA	AACACTCTTT	AGTGCTATAT	GCATTTTCTT	300
	ACTTTTGTTA	AAAATGTGAC	AATTGTCAAA	AAATGCACTA	AAATGTAAAT	GGAGATTGAA	360
	CAAGTTCACT	TTCCAGCTTA	TAGGCAACTT	TATACAGACT	TGAACATTTT	CTCCAGTTGT	420
	TTAGTAAAAG	TGAAAGAGAA	AGGGTTTTTC	CTGCCACAGG	ATATAACTTT	TTTTTATATA	480
	ACAAGCATAA	CACACCACTG	CTTTTGGTGG	AAAAGTGCAG	AATAGTATGT	ACCTTTTATG	540
30	AAGAAAAATG	TAATTTACAA	TATTCAGTGA	GAATGTTACT	GCTGATTTTC	TTTTCCAAGG	600
	TGŤAGAATAT	TCTTTGATTT	ATAGAATTCA	TTTTTGACCC	AGATGATGGT	TCCTTTACAG	660
	AACAATAAAA	TGGCTGAACA	TTTTCACAAA	TAGAGTGTAA	CGAAGTCTGG	ATTTCTGATA	720
	CCTTGTCATT	TGGGGGATTT	TATTTTACTT	TGTTGCTTTA	<b>AAATTCAATG</b>	CAGAGAAGTT	780
	GTTGACTGTA	GGGGAAATAA	AGTTAATTCA	<b>AATTTTGAAA</b>	AAAAA		826
35				•			

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:578 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

Ś

20

25

35

40

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

		•					
10	GTTCTTAACT	GTTCCATTTT	CCGTATCTGC	TTCGGGCTTC	CACCTCATTT	TTTTCGCTTT	60
,	GCCCATTCTG	TTTCAGCCAG	TCGCCAAGAA	TCATGAAAGT	CGCCAGTGGC	AGCACCGCCA	120
	CCGCCGCCGC	GGGCCCCAGC	TGCGCGCTGA	AGGCCGGCAA	GACAGCGAGC	GGTGCGGGCG	180
	AGGTGGTGCG	CTGTCTGTCT	GAGCAGAGCG	TGGCCATCTC	GCGCTGCGCC	GGGGGCGCCG	240
	GGGCGCGCCT-	GCCTGCCCTG	CTGGACGAGC	AGCAGGTAAA	CGTGCTGCTC	TACGACATGA	300
15	ACGGCTGTTA	CTCACGCCTC	AAGGAGCTGG	TGCCCACCCT	GCCCCAGAAC	CGCAAGGTGA	360
	GCAAGGTGGA	GATTCTCCAG	CACGTCATCG	ACTACATCAG	GGACCTTCAG	TTGGAGCTGA	420
•	ACTCGGAATC	CGAAGTTGGA	ACCCCCGGGG	GCCGAGGGCT	GCCGGTCCGG	GCTCCGCTCA	480
	GCACCCTCAA	CGGCGAGATC	AGCGCCCTGA	CGGCCGAGGC	GGCATGCGTT	CCTGCGGACG	540
	ATCGCATCTT	GTGTCGCTGA	AGGCCTCCCC	CAGGGACC			578

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:799 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

43						•	
	AGCTTTTGTT	CACACTTTAA	ATAGCAGTCC	CAGAATGATT	TCACTACAGA	CTCTCTGGAA	60
•		CTGAATTCCG					120
	CCATCATCAT	GTCCACGTCG	CTACGAGTCA	GCCCATCCAT	CCATGGCTAC	CACTTCGACA	180
	CAGCCTCTCG	TAAGAAAGCC	GTGGGCAACA	TCTTTGAAAA	CACAGACCAA	GAATCACTAG	240
50	AAAGGCTCTT	CAGAAACTCT	GGAGACAAGA	AAGCAGAGGA	GAGAGCCAAG	ATCATTTTTG	300
-	CCATAGATCA	AGATGTGGAG	GAGAAAACGC	GTGCCCTGAT	GGCCTTGAAG	AAGAGGACAA	360
٠	AAGACAAGCT	TTTCCAGTTT	CTGAAACTGC	GGAAATATTC	CATCAAAGTT	CACTGAAGAG	420

WO 99/46375 127 PCT/DE99/00722

AAGAGGATGG	ATAAGGACGT	TATCCAAGAA	TGGACATTCA	AAGACCAAGT	GAGTTTGTGA	480
GATTCTAACA	GATGCAGCAT	TTTGCTGCTA	CCTTACAAGC	TTCTCTTCTG	TCAGGACTCC	540
AGAGGCTGGA	AAGGGACCGG	GACTGGAAAG	GGACCAGGAC	TGAACAGACT	GGTTACAAAG	600
ACTCCAAACA	ATTTCATGCC	CTGTGCTGTT	ACAGAGGAGA	ACAAAATGCT	TTCAGCAAGG	660
ATTTGAAAAC	TCTTCCGTCC	CTGCAGGAAA	GGATTGACGC	TGATAGAAGA	GCCTGGACAG	720
ATGTAATGAG	AACTAAAGAA	AACGATGGCT	GGAGATGACA	TTTATCCAGG	GTCACTTTGT	780
CAGGCCCTAG	GACTTAAAT				•	799

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

10

15

# (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1743 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

# (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

25

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

	AATTTATTTT	TTTTTCATGG	TCTGTCAGGT	TTTATTTATA	GAGTCTGGTG	AACTTGAACT	60
35	AGAGAAAGCT	GCAAAAAGTG	GTTTGGAGAG	CATGGCAGGG	CCATGGAGAA	GGGCTAATAG	120
	AAGCAGGTCC	CTTGCCCAGA	CCCTCAGGGA	GCCCTTTTGG	TGGATAGCGG	ACACCTGAGG	180
	CAGGAGGTGG	CAGGGGCCAA	GTCCAGGCAG	GCAGCAGCAG	GGCTGCAACT	GAGAGCTGAG 2	240
	GCTGGAGAGG	TAGCGCTCGC	CCTAACCTGA	TCCTGCAGGT	CTCAGGCCCT	GGGGTCATAT	300
	ACTCGCCCCA	TGAAGACAGG	GAACTTGTGC	TGCTGGTCCC	AGAGCACGAA	GAGGAAGGC :	360
40	TGCTGCACTT	CAAAGACCAG	CAGGGTGCGG	GCCACAGAGA	TGGCGGAGGC	TGCAGCCGCC	420
	TCCACCCCAG	TCTCTGTCAG	TTCCAGCACT	GTCTGGTGCT	GCATCGCAGA	AACCTGAAGA	480
	TCTGGGTCCT	CTGTCAGCCC	ACACAGGTTA	AGGTCATAAG	AAAAATCGAA	GAATTCCAAT	540
	TTCTCCATGA	TTGAGAGCAT	ATCCTGGCTG	GTCGTCACTT	TGATGCGGGG	TAGTGTTAGG	600
•	AGAGTGGGCT	GGAACTTGGA	CATCTCCAGT	TTCTCCATGA	TGGCCTTGAA	AACAGAAGGG.	660
45	CTGAGAGCCT	GTTCCATGTC	TTCAAGACGA	TGTTTCAGGT	TCTGGGGTAC	CAGGATCACC '	720
	AAACTCAGAT	TGTGGGAGAG	CTGCAGCTGC	CCCACCTTGG	CTTTCAAAGT	TTGGTCAATG	780
	AAATGGGCCA	CAGGGTACTT	CTTGCTATTC	ATCATGGGCA	CTTTTATAAC	TGAGTTTTTG	840
	AAGTGAAAGG	GTTCCATTCT	GGTTTTCTTG	GGATCAAATG	TTGTCTTCCA	CTTGGCACTC	900
	AGGTAGATAG	CATTGAGGAG	GACAAGGCGG	GTATCGGAGG	GCAGACTGTC	TAGCAGCCGG	960
50	CTGATCTTGT	TGTTGGTGTT	CTTGGCCACC	CAGGTGTTGA	TGAGCTCCAA	AGTTGAATAG1	020
	CAAGAAGTAC	CCTGTGGCCC	ATTTCATTGA	CCAAACTTTG	AAAGCCAAGG	TGGGGCAGCT1	080
	GCAGCTCTCC					AACATCGTCT1	
	TGAAGACATG	GAACAGGCTC	TCAGCCCTTC	TGTTTTCAAG	GCCATCATGG	AGAAACTGGA1	200

WO 99/46375 128 PCT/DE99/00722

	GATGTCCAAG	TTCCAGCCCA	CTCTCCTAAC	ACTACCCCGC	ATCAAAGTGA	CGACCAGCCA1260
	GGATATGCTC	TCAATCATGG	AGAAATTGGA	ATTCTTCGAT	TTTTCTTATG	ACCTTAACCT1320
	GTGTGGGCTG	ACAGAGGACC	CAGATCTTCA	GGTTTCTGCG	ATGCAGCACC	AGACAGTGCT1380
	GGAACTGACA	GAGACTGGGG	TGGAGGCGGC	TGCAGCCTCC	GCCATCTCTG	TGGCCCGCAC1440
5	CCTGCTGGTC	TTTGAAGTGC	AGCAGCCCTT	CCTCTTCGTG	CTCTGGGACC	AGCAGCACAA1500
	GTTCCCTGTC	TTCATGGGGC	GAGTATATGA	CCCCAGGGCC	TGAGACCTGC	AGGATCAGGT1560
	TAGGGCGAGC	GCTACCTCTC	CAGCCTCAGC	TCTTCAGTTG	CAGCCCTGCT	GCTGCCTGCC1620
	TGGAATTGGC	CCCTGCCACC	TCCTGCCTCA	GGTGTCCGCT	ATCCACCAAA	AGGGCTCCCT1680
	GAGGGTCTGG	GGCAAGGGAC	CGTGCTTCTA	ATTAAGCCCT	TCTTCCAATG	GGCCTTGCAT1740
10	GGC			•		1743

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

30

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

GCCAATCGAA TCGTCCTGGG AGGCTTTTCA CAGGGCGGGG CCCTGTCCCT CTACACGGCC 60 CTCACCTGCC CCCACCCTCT GGCTGGCATC GTGGCGTTGA GCTGCTGGCT GCCTCTGCAC 120 CGGGCCTTCC CCCAGGCAGC TAATGGCAGT GCCAAGGACC TGGCCATACT CCAGTGCCAT 180 GGGGAGCTGG ACCCCATGGT GCCCGTACGG TTTGGGGCCC TGACGGCTGA GAAGCTCCGG 240 40 TCTGTTGTCA CACCTGCCAG GGTCCAGTTC AAGACATACC CGGGTGTCAT GCACAGCTCC 300 TGTCCTCAGG AGATGGCAGC TGTGAAGGAA TTTCTTGAGA AGCTGCTGCC TCCTGTCTAA 360 CTAGTCGCTG GCCCCAGTGC AGTACCCCAG CTCATGGGGG ACTCAGCAAG CAAGCGTGGC 420 ACCATCTTGG ATCTGAGCCG GTCGAGCCCC TGTCCCCACC CTTCCTGACC TGTCCTTTTC 480 CCACAGGCCT CTGGGGGCAG GTGGCAAGGC CTGGCCGGGC CTTCCTTCCT GGCCTTAGCC 540 ACCTGGCTCT GTCTGCAGCA GGGGCAGGCT GCTTTCTTAT CCATTTCCCT GGAGGCGGGC 600 CCCCCTGGCA GCAGTATTGG AGGGGCTACA GGCAGCTGGA GAAAGGGGCC CAGCCGCTGA 660 CCCACTCACT CAGGACCTCA CTCACTAGCC CCGCTTTGGG CCCCCTCCTG TGACCTCAGG 720 GTTTGGCCCA TGGGGCCCTC CCAGGCCCCT GCCCCAACTG ATTCTGCCCA GATAATCGTG 780 50 TCTCCTGCCT CCACTCAGCT GCTTCTCAGT CATGAATGTG GCCATGGCCC CGGGGTCCCC 840 TTGCTGCTGT GGGCTCCCTG TCCCTGGGCA GGAGTGCTGG TGAGGAGGTG GAGCCTTTTG 900 AGGGGGGCCT TCCCTCAGCT GTTTCCCCAC ACTGGGGGGC TGGGCCCTGC CTCCCCGTTA 960 CCCTCCTTCC CTGCAGGCCT GGAGCCTGTA GGGCTGGACT GAGGTTCAGG TCTCCCCCA1020 WO 99/46375

GCTGTCTCAC CCCCACTTG TCCCCACTCT AGAGCAGGGA GGCAGTGGGG GAGGAGTTGT1080
GTCTCGTCTT CTGTCTCCAT GTGGTTTTTG GGTGTTTTTC TTGTTGTGC CTGGATTCCG1140
ATAAAATTAA AGAAATTGCT TCCTCAAAAA AAAAAAAAA AAA 1183

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:768 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
    - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:

15

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

30	GTTTTTTTT	TTACTGCAGA	AAATTGGTGG	TATTTTCACA	TTCATAGTGT	TTCTATCCAA	60
	TTTCAGTACC	CACATTTAAT	GAGGAAAAA	TGTTTTACCA	ATGAAGGAGG	AATTCTTAAA	120
	TTAGCTGTAA	TGTTAGGTTG	GAGAAAATTT	GGTATTTAGG	GTATTTTCAA	GGTACCATCA	180
	AATCAGATTT	CTGTTTTTTT	GTTAAAAAAA	ATTTTTTAA	TCAGTATTGT	TTTTACAAGT	240
	AATATACTTT	GAAACTCTTG	<b>AACTAATAGT</b>	CTCAAAAACT	CTAGAGGACA	GTCTGAGAAC	300
35	ACGTATTTCT	ATTGTTCTAA	ATAAATACAT	GTTTTTGAAT	<b>AGTTCAATCA</b>	TGAATTATTG	360
	ACTATGTCTT	CATCAAAAGT	GTTAATCCCT	CTCAGGGTCT	CTGGTGAAGA	CCTTCAAGAG	420
	TTTGGTTTTT	TCTCCCAGGA	AATTGGAAGG	TAGAATTGTA	AATTCATAGA	ACTTCTTTTA	480
	TAATGGTGTA	CCTCAGCAGC	TGCCTTTCAA	TTTATGCCAA	GTCCTTACAG	AGTTTATACT	540
	TGAATAGTAA	ATATGTCTTC	TGAGTTTTAC	AGTGTCTTAA	ACTCAATGCA	CATTTTTTT	600
40	TCTTCTTTTT	CCACCCCTTC	TTGTTTGTAG	TTCATTATAC	CTGTCCTATT	ACAGAACTGA	660
	TTTCCTTCCT	GGCTGTACAT	GTTGGGGTGC	TGGATTTTTT	TCCGTGTCTT	TAGTCTTCGG	720
	ATACATGTTC	TCTTCTTTAG	CTTGTGGTGA	ATACAGTAAT	TTGCATTG		768

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1029 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 10 (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

	CCCTGCTGTG	AAGTCCTGGC	AGGTGTTGGT	AATGTGTGGA	AATGCAGTCA	GCAAGTTTGC	60
	TGGGGAGTTT	GATAAAAGTA	TAAAACAAAA	CAAAAAAAGC	CTCGGTATAA	TTTTGTTCCA	120
20	CGACTTCTTC	TGTAGCTTTA	CACCAGAAGG	AAGGAATGGG	CTACAGCAGG	TAGTGGAGGA	180
	AGAGGGGGGT	GAGCAGGTGT	ATTAAAATAG	CTTACGGGTA	AGGCCTAAAA	GGTCACCCCT	240
	CGGCCCCCTC	TCCAAAAGAA	GGGCATGGGC	ACCCCCAGGA	GAGGATGGCC	CCAAAAACCT	300.
	TATTTTTATA	CATGAGAGTA	AATAAACATA	TTTTTTTTAC	AAAAATAACT	TCTGAATTTA	360
	TCAGTGTTTT	GCCGTTAAAA	ATATTCCTCT	ATAGTAAATT	ATTTATTGGA	AGATGACTTT	420
25	TTTAAAGCTG	CCGTTTGCCT	TGGCTTGGTT	TCATACACTG	ATTTATTTTT	CTATGCCAGG	480
	CAGTAGAGTC	TCTCTGCCTC	TGAGGAGCAG	GCTACCCGCA	TCCCACTCAG	CCCCTCCCTA	540
	CCCCTCAAGA	TTTGATGAAA	ATTCCAACCA	TGAGGATGGG	TGCATCGGGG	AAGGGTGAGA	600
	AGGAGAGCCT	GCCTGCTCAG	GGATCCAGGC	TCGTAGAGTC	ACTCCCTGCC	CGTCTCCCAG	660
	AGATGCTTCA	CCAGCACCTG	CCTCTGAGAC	CTCGCTCTCT	GTTCCAGCAA	CCCTGGTTGG	720
30	GGGGTCAGAC	TTGATACACT	TTCAGGTTGG	GAGTGGACCC	ACCCCAGGGC	CTGCTGAGGA	780
	CAGAGCAGCC	AGGCCGTCCT	GGCTCACTTT	GCAGTTGGCA	CTGGGTTGGG	GAGGAAGAGA	.840
	GCTGATGAGT	GTGGCTTCCC	TGAGCTGGGG	TTTCCCTGCT	TGTCCAGTTG	TGAGCTGTCC	900
	TCGGTGTTAC	CGAGGCTGTG	CCTAGAGAGT	GGAGATTTTT	GATGAAAGGT	GTGCTCGCTC	960
	TCTGCGTTCT	ATCTTCTCTC	TCCTCCTTGT	TCCTGCAAAC	CACAAGATAA	AGGTAGTGGT1	020
35	GTGTCTCGA		•		•	· 1	1029

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:736 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:

131 PCT/DE99/00722

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

WO 99/46375

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

10	CAGGACAACG AGTGGGCTTG ACTTGAGTAG	TGAAATATTT GCTACAGACA GAATCAGACT TTACAGACTG	CACACATACA TCTGTGTCCA	TACACGCACA	CAAAATCTCA	GCTGTTGAAG	60 120 180
	AGTGGGCTTG ACTTGAGTAG	GAATCAGACT	TCTGTGTCCA				
•	ACTTGAGTAG			GTAAAAAACT	CCTGCACTGA	AGTCATTGTG	180
		TTACAGACTG	B MMCC B CMCB				100
			ATTCCAGTGA	ACTTGATCTA	ATTTCTTTTG	ATCTAATGAA	240
	TGTGTCTGCT	TACCTTGTTT	CCTTTTAATT	GATAAGCTCC	<b>AAGTAGTTGC</b>	TAATTTTTTG	300
15	ACAACTTTAA	ATGAGTTTCA	TTCACTTCTT	TTACTTAATG	TTTTAAGTAT	AGTACCAATA	360
	ATTTCATTAA	CCTGTTCTCA	AGTGGTTTAG	CTACCATTCT	GCCATTTTTA	ATTTTTATTT	420
	AATTTTATTT	GCTTGAGCAC	ACTGATCAAC	CACTGAACTG	CCTTCTTCCA	TTGTCCTGCA	480
	ATGATATAAG	GGTTACATTT	TTGTGTATAT	GGCTTTCATA	GTTGGGATTT	CAGAGCACTG	540
	ATACCAGATA	TTTTCAGTTT	GTTCTCTGGG	GGAATTTCAT	TTGCATCTAT	GTTTTTAGCT	600
20	ATCTGTGATA	ACTTGTTAAA	TATTAAAAAG	ATATTTTGCŢ	TCTATTGGAA	CATTTGTATA	660
	CTCGCAACTA	TATTTCTGTA	<b>AACAGCTGCA</b>	GTCAAAAATA	AAACACTGAA	AGTTTTCATT	720
	TTGCAGTGGA	AAAAAA		•			736

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

25

30

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:1159 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

	GGACCGTGTG	TCGGCCGTGG	CGCTGCCCAA	GCTGCCCATC	TCGCTCACCA	ACACCGACCT	60
50	CAAGGTGGCC	AGCGACACAC	AGTTCTACCC	TGGCCTCGGG	CTGGCCCTGG	CCTTCCACGA	120
	CGGCAGCGTC	CACATCGTGC	ACCGGCTCTC	ACTGCAGACC	ATGGCCGTCT	TCTACAGCTC	180
	CGCGGCCCCG	AGGCCTGTGG	ATGAGCCGGC	CATGAAGCGC	CCCCGCACCG	CGGGCCCCGC	240

WO 99/46375 132 PCT/DE99/00722

```
CGTCCACTTA AAGGCTATGC AGCTATCGTG GACGTCACTG GCCCTGGTGG GGATTGACAG 300
    CCACGGGAAG CTGAGCGTGC TCCGCCTCTC ACCTTCCATG GGCCACCCGC TGGAGGTGGG 360
    GCTGGCGCTG CGGCACCTGC TCTTCCTGCT GGAGTACTGC ATGGTGACCG GCTACGACTG 420
    GTGGGACATC CTGCTGCACG TGCAGCCCAG TATGGTACAG AGCCTGGTGG AGAAGCTGCA 480
    CGAGGAGTAC ACGCGCCAGA CCGCTGCCCT GCAGCAGGTC CTCTCCACCC GGATCCTGGC 540
    CATGAAGGCC TCGCTCTGCA AGCTGTCGCC CTGCACGGTG ACCCGCGTGT GCGACTACCA 600
    CACCAAGCTC TTCCTCATCG CCATCAGCTC CACCCTGAAG TCGCTGCTGC GCCCCCACTT 660
    TCTCAACACG CCTGACAAGA GCCCCGGCGA CCGGCTGACC GAGATCTGCA CCAAGATCAC 720
    CGACGTCGAC ATTGACAAGG TCATGATCAA CCTCAAGACG GAGGAATTTG TGCTGGACAT 780
    GAACACACTG CAGGGCGCTG CAGCAGCTCT TGCAGTGGGT GGGCGACTTC GTGCTGTACC 840
    TGCTGGCCAG CCTACCCAAC CAGGGTTCCC TGCTGAGGCC GGGCCACAGC TTTCTGCGGG 900
    ACGGCACCTC GCTGGGCATG CTTCGGGAAT TGATGGTGGT CATCCGCATC TGGGGCCTTC 960
    TGAAGCCCAG CTGCCTGCCC GTGTATACGG CCACCTCGGA TACCCAGGAC AGCATGTCCC1020
    TGCTCTTCCG CCTGCTCACC AAGCTCTGGA TCTGCTGTCG CGATGAGGGC CCAGCGAGCG1080
15 AGCCGGACGA GGCGCTGGTG GATGAATGCT GCCTGCTGCC CAGCCAGCTG CTTATCCCCA1140
    GCCTGGACTG GCTGCCAGC
```

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:690 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

35

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

	AGAGCGGCCG	CCCCTCTTTT	TTTCTCTTTC	TTTTTTTTT	TTTTTGCATA	TCAGAAATGC	60
	ATTTTAATTT	TTATTTGAAA	ACAACTTAAA	TTTTTAGACA	AATGATTTTA	GTATATAAAT	120
45	TTGCTTTTGT	TTTTATACAG	AATATAAAGA	TTTCCCTCAT	TAATCTTCCA	TGTGAAGGGT	180
	ATTACAAGCC	TGGAGGAAGA	TACTTTCTGC	ACACAAGTAT	GTATCTTATG	TGTGCAGTAT	240
	TGGAAACCAA	TGGTGTAGTG	CTCCTACACA	TAAATGGGGT	CAAGTGACAT	CACAAATTAA	300
	AAGGGGGAAA	GAGAAATATT	CTAGTTAATC	AGATGCAAGA	AGCAAACAAG	ACGCAAAAAC	360
•	TGTGCÀAATA	AGACCAAGCC	AGTAACTTTA	GTTACGACAC	TGCAGATTAC	ACTGGAATAA	420
50	CAGGTTTGTG	AGGCTATAGT	GTGCACCACA	TTAAAACAGC	AAGAAAGAGC	TATTTATATA	480
	GAAAGGCTGG	AATGAGGGAT	TTTTACTAAA	GCAAATTAAC	TTCTTGTCAA	CTGCCAAAAC	540
	AAAACAAAAC	TGAGCATATG	AGTGTTAGTA	TACTGAAGGC	ATGTTATACC	AGTTTCTGTG	600
	CAGCATGCTA	AAAGTTAGAA	CTTCTTCACT	GGTGCTTATC	AATCATTAÁT	AGTCACGTTT	660

TTGCCCCTTC TTGCCAAATT TCGAGGCATG

690

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:1186 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

20

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

	ACCATAGATT	TATTTTAAAA	GGGAAAATCT	CACACATAAT	TAAGCAGTGG	AAAATGTGCT	60 .
	CAATGCTATG	GTGCGTCAGG	CCCTCTGTCT	ACCAGGTTTC	TCCCGCTTTC	TGCAGAGCTG	120
30	TGGACCCTGT	ACGTACCAAA	CAGGTGAACT	TGGTCCATCT	TTCCTTCTTC	CTTTTTTTGC	180
	ACATTTGCAT	TTATATCTTC	CTGTACTAAA	AGAAACAAAT	TATTTATAAT	TGGGGTGACA	240
	ATATAAAGGA	ACAAAAGATG	GGGCAATAGT	TGCTTCCTAG	CTGGAGCTGT	AAGTCCATGT	300
	TACAGAAACT	CACTATTTAA	AAAGTTTTAA	AAGATTTATG	AACCTTGTCC	TACAATTCGC	360
	TGAATACTTA	TTTGTCTTTT	AAACTCCCCT	CGGTGTATGG	ATCATCTTCG	TCAGAATGCC	420
35	GTTGTTTCAT	TGTGAATCAG	GGGAAAATGT	TAATCATTTG	GAGACTGTTT	TCTTATTACC	480
į.	AAATGTACAA	TCCATAAGAC	AACTGAAAGC	AACAACTGCT	GGGTTCACTG	ACAAAGATTA	540
	TAAAAATCAT	CACGTTCAAA	GTAGAGTTTT	TAGCCAAGGT	CAAGAACTAA	CCTGGGGCTG	600
	AGTCAGCGTC	TCTACCCACT	TAAATAACAG	CGTAAAGATC	TTTCACTAAA	TTCGTTATGT	660
	GGTCTGTCTG	GATGTAAACC	TATATATTC	CTTTTGAAAC	AGAATCATAT	CCTGCAGACT	720
40	CTTGGCACTC	CTGCATAGCT	TTGACCGAAT	GTTCACTCTC	ATCGTAATGG	AAGATTTCTA	780
	TCTATGCAGA	TAATACATGT	TTTTAAATAC	TGTTTTCTGT	TTAGTCCTCA	ATCTTCCTAA	840
	CTCAAATTGG	GGACTGAGGA	GAGAGAAAGG	TGGTTACCCC	TGTTACCGTG	CCATATTCTT	900
	CTTGCTGCTT	TTCAACCCCA	CGTGATTGTT	GATTGACGGT	TCTGCTATAA	TGTGCGTGCC	960
	CTTCAAGTTT	CAGAAAACTT	TCCCAATCAT	TTCACTTCAA	TCTTAATTGA	ACCCAAGAGT	L020
45	CAAAGTTATT	ATTTTCTCCG	AACGTGTTTG	TGATCTTCTG	TTATATTTTG	GGGCATGTTA	1080
	CCTTTATGGT	ATATAAGCTG	TAGTGCATAC	TCTTTGTATT	GCAAAAAACT	GGTCAGTAAT I	L140
	TTATGTACAT	GTATTCCACA	TTTTAGTGTG	CTTGAAGTGA	CAATCC	1	1186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1029 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:

40

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:
- GGGAGAAGGA GGAGGCCGGG GGAAGGAGGA GACAGGAGGA GGAGGACCA CGGGGTGGAG GGGAGATAGA CCCAGCCCAG AGCTCTGAGT GGTTTCCTGT TGCCTGTCTC TAAACCCCTC CACATTCCCG CGGTCCTTCA GACTGCCCGG AGAGCGCGCT CTGCCTGCCG CCTGCCTGCC 180 TGCCACTGAG GGTTCCCAGC ACCATGAGGG CCTGGATCTT CTTTCTCCTT TGCCTGGCCG 240 25 GGAGGGCCTT GGCAGCCCCT CAGCAAGAAG CCCTGCCTGA TGAGACAGAG GTGGTGGAAG 300 AAACTGTGGC AGAGGTGACT GAGGTATCTG TGGGAGCTAA TCCTGTCCAG GTGGAAGTAG 360 GAGAATTTGA TGATGGTGCA GAGGAAACCG AAGAGGAGGT GGTGGCGGAA AATCCCTGCC 420 AGAACCACCA CTGCAAACAC GGCAAGGTGT GCGAGCTGGA TGAGAACAAC ACCCCCATGT GCGTGTGCCA GGACCCCACC AGCTGCCCAG CCCCCATTGG CGAGTTTGAG AAGGTGTGCA 540 30 GCAATGACAA CAAGACCTTC GACTCTTCCT GCCACTTCTT TGCCACAAAG TGCACCCTGG 600 AGGGCACCAA GAAGGGCCAC AAGCTCCACC TGGACTACAT CGGGCCTTGC AAATACATCC 660 CCCCTTGCCT GGACTCTGAG CTGACCGAAT TCCCCCTGCG CATGCGGGAC TGGCTCAAGA 720 ACGTCCTGGT CACCCTGTAT GAGAGGGATG AGGACAACAA CCTTCTGACT GAGNAAGCAG 780 35 AAGCTGCGGG TGAAGAAGAT CCATGAGAAT GAGAAGCGCC TGGAGGCAGG AGACCACCCC 840 GTGGAGCTGC TGGCCCGGGA CTTCGAGAAG AACTATAACA TGTACATCTT CCCTGTACAC 900 TGGCAGTTCG GCCAGCTGGA CCAGCACCCC ATTGACGGGT ACCTCTCCCA CACCGAGCTG 960 GCTCCACTGC GTGCTCCCCT CATCCCCATG GAGCATTGCA CCACCCGGTT TTTCGAGACC1020 **GTGACCTGG** 1029
  - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:
    - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
      - (A) LÄNGE:985 Basenpaare
      - (B) TYP: Nukleinsäure
      - (C) STRANG: einzel
      - (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
    - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

# (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

	ATCACTCTTT	CTCAGCTCGA	CTGGAGTTTC	TGCACCTTTG	CAGGGCAAA	GTAAGTCCCT	60
15	GCACCCTGAA	CCACCCCCA	TTCCTGTTCA	TTTCAGCAGA	TAATGATGGA	GGGGGGGGG	120
	TGTCCATCGT	GCTGAGGGTG	TGACCGCAAG	AGGGTGAAAA	CTTCCAGCCA	ACTTTCTCAG	180
	TCCTTTCTCT	TGCGAGAGGG	<b>AAGCCACCTG</b>	CTATACAAAC	TAATACCCCC	TGCCTTGACC	240
	CCTTCCCCAC	GACTCAGTTG	ACAGAAGGAT	ATACTTTGTT	ATAACTTATT	ATTTTGTTCT	300
	CTGTAAATAC	<b>AAGATGTTTA</b>	TAGGAAATAT	GTATTCTGAA	CTCTATCTGC	AGAATGAGTC	360
20	ACTACACCAA	AATAGTTCTA	TTATTTAGAA	TGTGTTAATT	TTAAAGGGAC	CTGATAGGTA	420
	TTTATTTACA	TATGCGATCC	ACATTTGTGT	GAAAGCATGT	GATCATACTA	ACCCAGCCTC	480
	CTGGAATGTC	GCTGTACGAT	GATTGATGTC	TTTTTCTCAG	TCCATAGTTA	CAATTGTTTA	540
	GTATGCTAAT	CAGTCCAGTT	CCCTGAGGTT	TAAGATCAAA	TATAAATTAC	TCTGCTTTTC	600
	GACTCATTCA	GGTAGCATTG	TACCTGAACC	TGATTGCTAC	TTTTTCATCT	TAAATATTAT	660
25	ATTTCCTCAT	CTAATCTGCC	TTCCCCTCAT	CCACAGACAT	TTGGAGAAGG	AAATGGGAGG	720
	GTGTCTGTTA	TCCCTTTCTC	TTTGCTTTGT	CCCCGTTGTT	AGACTGGCAG	CGTCAGTTGC	780
	TCGGTGGGCT	TGGTTAGAGC	CGTGGGTGAG	GCAGGTGGCT	GGCGGGGACA	GGGAGAGGCT	840
	GAGAGGGAAG	TGGTGGCATT	TACTGCTCTG	ACACTTCCAC	TGTCCCTGCT	GGGGATGCTG	900
	GGGCCAAGGC	CTGTGGGGCC	TGTGAACTGC	ACAGCCAGGA	GCAAGGAACC	CACTAAATAC	960
30	TCCGTCACTG	CATGTCCCCT	CTACA			•	985

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:622 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

# (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

3							
	ATGTTTTTCA	TTTTTTTCAT	GTTATCTATC	CAAGCACTGT	TCCATGGTCA	GCAAGTCATA	60
	TTTCATAATG	TGGATTTTCC	AAAATAATTA	TTGAATACAG	CTATTCTATG	GCTACTTTTA	120
	GTGTTTTTGT	GGTATGTGGT	GTGGGAGTGT	TTATGGAATT	ACCAGTATCT	TAAATTTTCA	180
	AAGGAACCTT	GGAAGTCTAT	CACTCTAAAT	GAAAGTCTGT	CACTCTACAT	GAATTATGTG	240
10	CTCAAATTTG	ACCAACTCAG	TTTAAGACAC	AAAACAGTAA	TTTGAAGAAG	GAAAAATGAA	300
	GAGAGTTTCT	AGTTTAATGG	GTTAAATTTT	TGTTGTTGCA	ATAGTAAGTT	TAGTCTTCTT	360
	ATAATATTTC	TAAATGAAAA	<b>ATCATAGGTA</b>	TTTGTTACCA	TGTGTGAAGA	TTACTTTGTT	420
	AAAAGCAAAA	GTGGTCGTGT	GATATGCTAA	<b>ATGTTAATTA</b>	CTGATTTTAT.	ATGTTTAAAT	480
	CACGCCAAAC	AAATTATGTC	TGTGCCATCC	AGGGTCTGTT	GTTAATCTTT	TTCTGAGTAC	540
15	TTGGATTĢGG	ATAAAGGGCT	TGTACTATGC	ACTTTTTATT	AATGAATAAA	.TAGAAAACGT	600
	TAGTAACAAA	AAAAAAAAA	AN			•	622

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1129 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

30

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

	GATTTTTATC	TAGAAACTAT	ATTTACTTAA	ACCCCCTCA	GGAAAGAGGT	TTTAAAATCA	60
	AAGATGGGAA	AATCGGAGAA	AATTGCCCTT	CCCCATGGCC	AGCTTGTTCA	TGGTATACAC	120
45	TTGTATGAGC	AACCAAAGAT	AAACAGACAG	AAAAGCAAAT	ATAACTTGCC	ACTAACCAAG	180
•	ATCACCTCTG	CAAAAAGAAA	TGAAAACAAC	TTTTGGCAGG	ATTCTGTTTC	ATCTGACAGA	240
	ATTCAGAAGC	AGGAAAAAA	GCCTTTTAAA	AATACCGAGA	ACATTAAAAA	TTCGCATTTG	300
	AAGAAATCAG	CATTTCTAAC	TGAAGTGAGC	CAAAAGGAAA	ATTATGCTGG	GGCAAAGTTT	360
	AGTGATCCAC	CTTCTCCTAG	TGTTCTTCCA	AAGCCTCCTA	GTCACTGGAT	GGGAAGCACT	420
50	GTTGAAAATT	CCAACCAAAA	CAGGGAGCTG	ATGGCAGTAC	ACTTAAAAAC	GCTCCTCAAA	480
						CCATATCCCT	
						TACAATTGCA	
	AAAGATGAGT	TTAAAAAATT	ACATACAAAC	AGCTTGTATT	AȚATTTTATA	TTTTGTAAAT	660

```
ACTGTATACC ATGTATTATG TGTATATTGT TCATACTTGA GAGGTATATT ATAGTTTTGT 720
TATGAAAGTA TGTATTTTGC CCTGCCCACA TTGCAGGTGT TTTGTATATA TACAATGGAT 780
AAATTTTAAG TGTGTGCTAA GGCACATGGA AGACCGATTT TATTTGCACA AGGTACTGAG 840
ATTTTTTCA AGAAACAGCT GTCAAATCTC AAGGTGAAGA TCTAAATGTG AACAGTTTAC 900
TAATGCACTA CTGAAGTTTA AATCTGTGGC ACAATCAATG TAAGCATGGG GTTTGTTTCT 960
CTAAATTGAT TTGTAATCTG AAATTACTGA ACAACTCCTA TTCCCATTTT TGCTAAACTC1020
AATTTCTGGT TTTGGTATAT ATCCATTCCA GCTTAATGCC TCTAATTTTA ATGCCAACAA1080
AATTGGTTGT AATCAAATTT TAAAATAATA ATAATTGGGG CCCCCCCTT 1129
```

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:877 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:

15

20

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

					• •	and the second s	
35	CACACTGAGG	GTTTTTAACA	CCATTCTCCC	CCACTTCTCT	CCTGGGTGAC	ATAAGAGAGA	60
	AATAACCTGT	AGTACAGCAG	CTAAAGTATT	CTCCTTTCAG	<b>AGAATTTTTT</b>	TGGAGGTCTC	120
	TAATATATAT	TTCCCCCTTG	TCTCTGTGAT	CTCTTATTTA	TACTATATTA	TTGTCCCATG	180
	TACTTTCTAA	ACTGAGCTTG	GAACATTTAG	TATTCCTGCA	ATTGGACTTC	CCACTTAACA	240
•	'ATTATACAGA	CTTTGCTTTT	AGAAATAGAT	TAGGTTCCAA	ACAGAAAGTT	CAAGTGTAAC	300
40	AACAACAATA	AAAATAGATT	ATGAAACAGG	CTATAATTGG	CTCTTTTGGA	TTTGATAGGG	360
	GCAAGATGAA	AGGCAACTTT	CTTGCTTTTG	AAATCATGTT	GGGTAAGAGG	TAAGGAATCC	420
	AGCTACAATT	TTATTAGTGC	TTGAAACGGG	CTTCCTTGAA	TTCTCCAGGC	CCTATCATTT	480
	TTTTTTTCT	TACTAATCAG	AAGAGAGCTG	GGGTAGAAGC	CCCATGTTTG	TATTCCATGA	540
	AACACGTCGG	GTTGGAGTAA	AGGCAAAAAC	AGCTAGACAC	ACCAGGTGTG	TCTGTTTGAC	600
45	ATTTATAAGC	TGGCACTCAT	CAACACTCCT	GTTTCTCCTT	TCTCTGGGAC	GTGTGGATTA	660
	AGGGGTGTGA	GTTGTGGGAA	GAATTGCCCT	CGTACCTCCT	<b>GGATTTATTA</b>	TTTTTCTCAA	720
	ATACCAACCA	GTAAGATCCC	<b>AAATAACTTG</b>	AGAAAAATTG	TTTCCTGATC	TGTCCACTTC	780
	TGGTGTCAAA	GATTTTACTC	ATCTTCTTAG	TACATTCTAT	GTATTTTATA	TGTATAATTT	840
*	TATACAATTA	AAAATAGATT	TTTGTCTAGT	GAAAAA			877

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1329 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

15

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:
- GTCGGGGAGC GCGGGCCGG GGCCCAGGGG ACCCCGGGCC ACGGAGAGCG GGAAGAGGAT GGATTGCCCG GCCCTCCCCC CCGGATGGAA GAAGGAGGAA GTGATCCGAA AATCTGGGCT 120 AAGTGCTGGC AAGAGCGATG TCTACTACTT CAGTCCAAGT GGTAAGAAGT TCAGAAGCAA 180 GCCTCAGTTG GCAAGGTACC TGGGAAATAC TGTTGATCTC AGCAGTTTTG ACTTCAGAAC 240 tggaaagatg atgcctagta aattacagaa gaacaaacag agactgcgaa acgatcctct 300 CAATCAAAAT AAGGGTAAAC CAGACTTGAA TACAACATTG CCAATTAGAC AAACAGCATC 360 AATTTTCAAA CAACCGGTAA CCAAAGTCAC AAATCATCCT AGTAATAAAG TGAAATCAGA 420 CCCACAACGA ATGAATGAAC AGCCACGTCA GCTTTTCTGG GAGAAGAGGC TACAAGGACT 480 TAGTGCATCA GATGTAACAG AACAAATTAT AAAAACCATG GAACTACCCA AAGGTCTTCA 540 AGGAGTTGGT CCAGGTAGCA ATGATGAGAC CCTTTTATCT GCTGTTGCCA GTGCTTTGCA 600 CACAAGCTCT GCGCCAATCA CAGGGCAAGT CTCCGCTGCT GTGGAAAAGA ACCCTGCTGT 660 TTGGCTTAAC ACATCTCAAC CCCTCTGCAA AGCTTTTATT GTCACAGATG AAGACATCAG 720 GAAACAGGAA GAGCGAGTAC AGCAAGTACG CAAGAAATTG GAAGAAGCAC TGATGGCAGA 780 35 CATCTTGTCG CGAGCTGCTG ATACAGAAGA GATGGATATT GAAATGGACA GTGGAGATGA 840 AGCCTAAGAA TATGATCAGG TAACTTTCGA CCGACTTTCC CCAAGAGAAA ATTCCTAGAA 900 ATTGAACAAA AATGTTTCCA CTGGCTTTTG CCTGTAAGAA AAAAAATGTA CCCGAGCACA 960 TAGAGCTTTT TAATAGCACT AACCAATGCC TTTTTAGATG TATTTTTGAT GTATATATCT1020 ATTATTCAAA AAATCATGTT TATTTTGAGT CCTAGGACTT AAAATTAGTC TTTTGTAATA1080 TCAAGCAGGA CCCTAAGATG AAGCTGAGCT TTTGATGCCA GGTGCAATCT ACTGGAAATG1140 TAGCACTTAC GTAAAACATT TGTTTCCCCC ACAGTTTTAA TAAGAACAGA TCAGGAATTC1200 TAAATAAATT TCCCAGTTAA AGATTATTGT GACTTCACTG TATATAAACA TATTTTTATA1260 CTTTATTGAA AGGGGACACC TGTACATTCT TCCATCATCA CTGTAAAGAC AAATAAATGA1320 45 **TTATATTCA** 
  - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:
    - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
      - (A) LÄNGE:697 Basenpaare
      - (B) TYP: Nukleinsäure
      - (C) STRANG: einzel
      - (D) TOPOLOGIE: linear

139 PCT/DE99/00722

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:

WO 99/46375

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

10

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

	GTAGGCGCTA	GTCTGGGCGC	AGAGGTTTCT	GGGAGCCAAG	<b>AGTGGTAAT</b> Ġ	GCGTCTGTAT	60
20	- GATCTTCGGA	GCCTGCTGCA	TCGGACCTCG	GCCAGTCATA	AAAGATGACA	ACAGCAGCCA	120
	GGCCAACCTT	TGAACCTGCC	AGAGGTGGAA	GGGGAAAAGG	AGAAGGTGAT	TTGAGCCAAC	180
	TTTCAAAGCA	GTATTCAAGC	AGAGACCTAC	CCTCTCATAC	AAAGATAAAA	TACAGACAGA	240
	CTACTCAGGA	TGCCCCTGAA	GAGGTTCGTA	ACCGTGACTT	CAGGAGAGAG	TTGGAAGAAA	300
	GAGAGAGAGC	TGCTGCAAGA	GAGAAAAATA	GGGATCGTCC	AACCCGAGAA	CATACAACCT	360
25	CCTCTTCAGT	GTCAAAAAAG	CCACGGTTAG	ACCAGATTCC	TGCCGCCAAC.	CTTGATGCAG	420
	ATGACCCTCT	AACAGATGAG	GAAGATGAAG	ATTTTGAAGA	AGAAAGTGAT	GATGATGATA	480
	CTGCAGCTCT	TCTTGCAGAA	CTGGAAAAAA	TTAAAAAAGA	AAGAGCTGAA	AAGGGCCAAG	540
	GCCCAGGGAA	GGGACCAAGG	GCCAAAAAAG	CTTTAAGGGG	GGGAAGGGTT	TCGTTTTGGG	600
	AAAACATTGG	TTGGGCGGGA	AACCCTTTCC	CTTTAATCTT	GAGCTTGGCC	CATTCCAAGC	660
30	TTAAGGCCGA	CTTTGAAAAG	TTTGAAAGGA	GGGTGGG	•		697

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:1389 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
- 50

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

#### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

CGAAGAATAG AATTGGCCAG GACCTAGGTT CTCATATTCT TGGTATTCCT CCTGGATGGA AAGGCTGTTG GCATCAATAG GGGACAGAGG CTGATGCTGG AGTGGCCAGT AGAGGTGGTG 120 GAGCAGAGCA GCCATCTTTT AAGTGGGGCT GTATCAGGCT GGGTTTATTT AAAAGCAACA 180 AAATGTTTTG GTTAAGAAAA TTATTTTGCT TTCAGTGTAA ATCTTCGCAG TGTTCTAAAC 240 AAAGTTCAGT CTTCTGCTCG CCCCTTTCCC TCACTGATGT CTGCACTTGG TTGAGGTCTC 300 10 CTGGAGCCTC ACAGGCTCTG CTGTTCTCCA CTTCTCACCT GCCATCCACG CCCTGCAAGC 360 TCATGCAAAC ACCCTTTCTT CCTCCTGCGG CAGAGTTGTT CAGGTTGCCT GGGCAGGGGC 420 TTAAACAGTG CCAGCCCTG CCATCCCAAA GCTATTGTTA AGCCCCCCAG GCGTCCTCCA 480 CCCACGCCCA CTAGCCTGCC ATGTCCACAG TTCCTTGGGC TGCTGAGGGG CTAGTGCAGT 540 GGTCCTGACC TCTCTTATCA AGAGCACACT TCTTTGCTGG TTGCTCCTTT TGAGCATATG 600 CGTGTGATTA TTTGGAACAG TTAGACTTGC CACGTTGGGT CAGTTTTAGA AATTGTTTCT AGCTAGAGGG ACTGGTGTCC TTCCAAGTCT AGCATTTGGG GTATGGAAAA TTGTTGTGGT GTGTGGTAGG GTTTTTGTTT TCTTTTTTGA GTTTTTTTC CCCCTTTAGT CTCCTGGCTT TTTCCTTTCC CTTCCCTTCT CCACTGGCCN AGCTTGGGCC TCATCCTCAT GTCATCCTTC 840 TAGGAAGGCG CCTGCCCCAT CTTGTCTGCC GGCAGCATGC ATCCAAGGCC AGAGCTCAGG 900 CCTGCAGACT GGGCTGGTGC CTCCTCCGCT TCAGGGTATG GGAGTTGGTG AAGGGGCTTT 960 CAAAAAATAA TAAGAAAAAA AAGGTAAAGT CTTTGGTAGC TTCTATCCAC TCAGATCCTG1020 GAAGGCAGCA AGGTTTTGTG GATCTAGATT CATTAGGAAT GTCTTCTTGT CAGCCAGGCC1080 AGGACCCGGG CTTGCCAAGA GCAGAGGCCC TCCCAGCAAC CAGGATACCA CCACTTTGGG1140 GGCTTTGTGT ACAGAGGTCC GGGTCTGAGA CCTCATAGGC TGCAGAAATC TGGGGCAGCC1200 25 ACCATCAAGA AGCCCCTCTC AGGGGCCAGA ACTCCTTTGC CAGCGTGGAT TTCTCAAGTC1260 GGGACTGCAT AATTAAAGCA GTTGCAGTTT TATTTTTTTT ACAGCTTTTT TCCCAAAAAT1320 GATTTGTAGT TGTGTGTGCA GCACTTCGCC CTGATATGTG TGCTCTACAA TAAAAACCAA1380 ATCTAATAT

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:535 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

35

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62:

	TGTATTGAGG	TAATAAATTG	TTTTACTGAC	AATTTTTCCT	TTTTCTACAC	TAAAACAATA	60
	TGTGATATAT	TTCCCCTCTT	GAAGAGGCAA	TTCATTAAAC	TCTCAAATTT	TCTATAGAAT	120
5	CAAGATAGAA	CCTTTAGATA	CTCCAACTCA	CCAAAATGTA	AAAAAACTAA	CAAAAATATT	180
	TGGTCTTCAA	TAATGCTAAA	TATCTACATT	TTTAGAATTT	ATCAACATTT	AACTAGATAA	240
	TTGGGCATGT	CTTAATTATG	CATGTACTTA	TCCATACTAA	TAAAATTGAC	AATGCTAGTG	300
	CATACTTATT	GGTTTAGTCC	TATTATCAGG	ATATAATCAT	CTGTGAGGAG	GATATTTTAA	360
	ATACTGTAAA	TGATAACAGT	TAATGATATA	CACATTTAGA	CTGAGTTGCA	CACTGGCAGG	420
) ်	GAGACCAAAA	ACATTACTTC	CATACTTGTG	TCATGATTCT	TTTTTTTTTG	AGAGAGTCTC	480
	ACTCTGTCGC	CAGGCTGGGA	GTACAGTGGC	ATGATCTCGG	CTCACTGCAA	CCTCT	535

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1098 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

5

10

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

		•				•	
	GTGATTTGAC	ATTTGAACAA	ATTAGGAAGC	TGAATCCTGC	AGCAAACCAC	AGACTCAGGA	60
•	ATGATTTCCC	TGATGAAAAG	ATCCCTACCC	TAAGGGAAGC	TGTTGCAGAG	TGCCTAAACC	120
,40	ATAACCTCAC	AATCTTCTTT	GATGTCAAAG	GCCATGCACA	CAAGGCTACT	GAGGCTCTAA	180
	AGAAAATGTA	TATGGAATTT	CCTCAACTGT	ATAATAATAG	TGTGGTCTGT	TCTTTCTTGC	240
	CAGAAGTTAT	CTACAAGATG	AGACAAACAG	ATCGGGATGT	AATAACAGCA	TTAACTCACA	300
	GACCTTGGAG	CCTAAGCCAT	ACAGGAGATG	GGAAACCACG	CTATGATACT	TTCTGGAAAC	360
	ATTTTATATT	TGTTATGATG	GACATTTTGC	TCGATTGGAG	CATGCATAAT	ATCTTGTGGT	420
45	ACCTGTGTGG						
	AGAAGTGGTC	AGCTAAAGGA	ATCCAGGTTG	TTGGTTGGAC	TGTTAATACC	TTTGATGAAA	540
	AGAGTTACTA	CGAATCCCAT	CTTGGTTCCA	GCTATATCAC	TGACAGCATG	GTAGAAGACT	600
	GCGAACCTCA	CTTCTAGACT	TTCACGGTGG	GACGAAACGG	GTTCAGAAAC	TGCCAGGGGC	660 <sup>-</sup>
	CTCATACAGG	GATATCAAAA	TACCCTTTGT	GCTAGCCCAG	GCCCTGGGGA	ATCAGGTGAC	720
50	TCACACAAAT	GCAATAGTTG	GTCACTGCAT	TTTTACCTGA	ACCAAAGCTA	AACCCGGTGT	780
	TGCCACCATG	CACCATGGCA	TGCCAGAGTT	CAACACTGTT	GCTCTTGAAA	ATCTGGGTCT	840
	GAAAAAACGC	ACAAGAGCCC	CTGCCCTGCC	CTAGCTGAGG	CACACAGGGA	GACCCAGTGA	900
	GGATAAGCAC	AGATTGAATT	GTACAATTTG	CAGATGCAGA	TGTAAATGCA	TGGGACATGC	960

ATGATAACTC AGAGTTGACA TTTTAAAACT TGCCACACTT ATTTCAAATA TTTGTACTCA1020 GCTATGTTAA CATGTACTGT AGACATCAAA CTTGTGGCCA TACTAATAAA ATTAATAAAA1080 GGAGCACTAA AGGAAAAA

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:1860 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
    - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
    - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT: 20

10

15

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
  - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

					•		
30	TAAGATCCTG	ACTCTGAAGC	TTCAAAGTGA	CACTGTGGAA	ATCTGAAACG	AGGGGATGTC	60
	ATGAAGGCAG	CTTTTCTTTT	TCTGAGGAAA	AAATAGGCAT	GGGCTACAGG	ACTATTTAAA	120
	ATGTCTCATT	TACAGTATAA	<b>AACTCAAAGG</b>	TAGATGTAAT	TTTTACACCT	ATGAGTATTT	180
	GTCCAATTTC	TGTCTCTTCC	TCACCATTGG	GTATCTATTC	TTTATATGTA	AATAAGATAA	240
	GGTCATCTGA	TAGCCTTATT	CAGTCTTCAT	CATTTTCATC	ATTGTTCCTA	TGTAGATTAT	300
35	TGGACATTTA	TTGTAGCACT	<b>ACATAACTGA</b>	TTATAAAAAT	CTGTAAATGA	ATTAGCACTT	360
	TCATATTGAA	ACAAGCCTGC	TAGCCTATGT	ATAAAATAGC	AAAATGTTTG	CTGTTTATAA	420
	AAAGATGTAA	TGGGGTGGGG	GGCAGGGGTA	ATTTCAAGTT	ATTAATTTAA	AAATGAACTA	480
	GCAATTTTGT	ACCTGGTGAC	TTTGTGGTGC	ACTCACCTCT	GATAGTGACT	TGAATTCGGT	<b>540</b> .
	. ATGTAAAAAG	GGGTTAGTGG	TATTTCATTG	CTGCTAAAAA	TGACAACTCC	CTCTGTGTCC	600
40	TGTTTTTCTT.	AAAGCTGTCA	GTGTACAAGT	GGGTATTTGA	ATACCAGACC	TTACTGTAAA	660
	AAATAAAAA	GGTGGTATCT	AGAGCATGTA	AATTGGATAT	AAAGTTCTGC	TCTTAAAGAG	720
•	TTGATCTAAG	AGTATGGCTA	AACATCTATA	TATGCAATCT	ATTAAAAGAA	CTTAATTCGG	780
	CTATTATGTC	TTGATTTGAT	TGCAGTTTTT	TCCTAATTAT	AACAAATTTT	TCCTCATTGG	840
	CCTGTTTTTA	ATCCTGTGCC	TAGAAGGAGT	ACAAAATGCA	CACTTTACAA	AATTGATATT	900
45	TAACACTTAC	CCACTCCCCT	TTCCCCATCT	CTTCTACCGC	TCTTGTTGAT	CGTGGTATCT	960
		AGATAGGCTG				TTGATACCAC1	
	TACAAAAACA	AGCCAGCAAA	AAGATACTGT	AGAGAGGTTG	GCTTGCTTCC	CTCTCTTCCT1	1080
	AACTGCATGT	TGAAAAATAA	GCCGTTATTG	ATCTTAAACA	TCGGTCAGAT	GAGTCATACA	1140
	TTGGGTTATT	TTTTATATAC	ATGTATACAC	AAAATATTTC	AAATTGAAAG	CAACATCTTA	L200
50	ATGGATTCAA	AACTATTACA	AGCTGTTGTC	TAAAACAGGT	GAGAAAAAA	TTTATAACTG1	1260
	TAAAAACAAA	TGCACATATT	GATATTTAAA	ATGCGTAATT	AAGAAAACCC	ATTGTTGTTG1	L320
	TGTTTTTCTT	GTATACCAAT	AATTAAGCCA	CTACTGTTGG	CACTGTTTGG	TTTTCTATTT	1380
-	TAACACTGAA	GGAGTGAAAG	TATTTCCTAT	ATTTATGAAT	TTACTACTAA	AATCTTGGCA1	1440

AAAAAAGAAA AAAATTGTCT AACGTGTGTG GGTGAAAACT GTTAATCAAG TGTTTCTACT1500 CCCCCCGAA AATCCCCTGA AAGTTGGACA CCAACTGTAT ACCCTAGGTT GCTTAAAGGG1560 ATTTCACTAT TATATAAAGT CAATAAAAAT GAAGTAGTTG TATATATGCA ACATTGTGTA1620 CCTAATACCT AGTCTACTT TTAAATTTC AGACTTCACT GCTTTTTGAA TTCATAATCC1680 CCTAATACCT ATTATTGTTA ATGGAAAATC ATATCTAATA AAGGTTTTAG TTATTCCCAT1800 GCACAGTATG AAAATTCTCA TTTGCTGAGG TTTTGTTTCA AGAAAATGTA TTGGCATGTC1860

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

15.

#### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

CRTWSILRGR MWLSTNSAAD AINPWPGRSS RPRSRAAVPH RLLHLPPVCA ELQGQQFYSL 60 EGAPYCEGCY TDTLEKCNTC GEPITDRMLR ATGKAYHPHC FTCVVCARPL EGTSFIVDQA 120 NRPHCVPDYH KQYAPRCSVC SEPIMPEPGR DETVRVVALD KNFHMKCYKC EDCGKPLSIE 180 ADDNGCFPLD GHVLCRKCHT ARAQT 205

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
  - (iii) HYPOTHETISCH: ja
  - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

50

AARALKRPFP SGPPLRDRSP SLESQSRKTP RLPEDLASGK KDYTFQRPLR RRDRKRRASR 60

VSLRVDPSDH GGPGVVADEV PHQGKCGWGR RLPGVRPGAA GAQRQEPGSP TEGWGGGPPR120 HVPVQPVRVS ADRPADTPAP SPSKDLLSHP 150

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:
  - (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
  - (iii) HYPOTHETISCH: ja

15

10

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

LLECRHHDGD VSSVGGPLQG PRVLQGGLGV CEGAHQVASQ QGRLPRPERA GLPLT

55

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:
  - (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
    - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
    - (iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

SVHFPAALRC ETAALLWSLR AARHHDSQRT LRRARKTTPS RGLCGAATGS GGRAECPCAW 60 IRATMVARVW SLMRFLIKGS VAGGAVYLVY DQELLGPSDK SQAALQKAGE VVPPAMYQFS120 QYVCQQTGLQ IPQLPAPPKI YFPIRDSWNA GIMTVMSALS VAPSKAREYS KEGWEYVKAR180 TK

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:
- 50 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

	•	
	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
.15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70	
15	PEDSGLGPHS EGRPPDCRPN KGLQK	25
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:	
	(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
25	(D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71	
٠.	DEKNTSFLYS DVGATSMKSV LYESYTKMGR HLVNCARYLK	CMFRKAFYQL RNMTYF 5
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:	•
40	<ul><li>(A) LÄNGE: 291 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

10

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

LERLVDIKKG NTLLLQHLKR IISDLCKLYN LPQHPDVEML DQPLPAEQCT QEDVSSEDED 60
EEMPEDTEDL DHYEMKEEEP AEGKKSEDDG IGKENLAILE KIKKNQRQDY LNGAVSGSVQ120
ATDRLMKELR DIYRSQSFKG GNYAVELVND SLYDWNVKLL KVDQDSALHN DLQILKEKEG180
ADFILLNFSF KDNFPFDPPF VRVVSPVLSG GYVLGGGAIC MELLTKQGWS SAYSIESVIM240
QISATLVKGK ARVQFGANKS QYSLTRAQQS YKSLVQIHEK NGWYTPPKED G 291

### 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 253 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

RSVVRRCLKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60 LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL120 QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180 VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240 QVEYMDRGEG GTT 253

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUN		H	E	R	ľK	U	۱	J	F	Т	:
-------------	--	---	---	---	----	---	---	---	---	---	---

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

EKFLNMGAPL GVGLGLVFVS SIGIYVSSTY PPVAGATLYS VAMYGGLVLF SMFLLYDTQK 60 VIKRAEVSPM YGVQKYDPIN SMLSIYMDTL NIFMRVATML ATGGNRKK 108

10

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE. 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: ja
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MHRDSCPLDC KVYVGNLGNN GNKTELERAF GYYGPLRSVW VARNPPGFAF VEFEDPRDAA 60
30 DAVRELDGRT LCGCRVRVEL SNGEKRSRNR GPPPSWGRRP RDDYRRRSPP PRRRSPRRRS 120
FSRSRSRSLS RDRRRERSLS RERNHKPSRS FSRSRSRSS NERK 164

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

35

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

. 10

EAALTICHLL SSWVSLESLT PILELTRAIV RALPLLRVLS XISTGSPASP TAVLRSEGLG	IRVDHPSQRD	FRLLDSLRAL NPGVPGNAGP	SGQAGCRLRA PSHIIGDEEI	LHLSDLFSP PENCLEQLE	L 60 M120 148
(2) INFORMATION ÜBER	SEQ ID NO:	90:		•	
(A) LÄNGE: 145 A (B) TYP: Protein (C) STRANG: einze (D) TOPOLOGIE: lir	ļ				
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	;				
(iii) HYPOTHETISCH: ja			• •		
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS:	MENSCH	·			·
(xi) SEQUENZ-BESCH	REIBUNG: SE	Q ID NO: 90			-
EDGADGAFYP DEIQRPPVRV DPPSQHLRGH GTGFCFDSSF PPDYDQQVFE RHVQTHFDQN	DVHKKCPLCE	CSQPARNFSR LMFPPNYDQS	PDGLEDSEDS KFEEHVESHW	KEDENVPTA KVCPMCSEQ	P 60 F 120 145
(2) INFORMATION ÜBER	SEQ ID NO:	91:			
(A) LÄNGE: 282 A (B) TYP: Protein (C) STRANG: einze (D) TOPOLOGIE: lii	l	* .			
(ii) MOLEKÜLTYP: ORI	=			•	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	; 			•	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS:	MENSCH				
(xi) SEQUENZ-BESCH	REIBUNG: SE	Q ID NO: 91			* 4.

DKSSACRRIG NYSDEKKDAM YWEKRRKINE AAKRSREKRR LINDLVLENKL IALGEENATL 60 KAELLSLKLK FGLISSTAYA QEIQKLSNST AVYFQDYQTS KSNVSSFVDE HEPSMVSSSC120 ISVIKHSPQS SLSDVSEVSS VEHTQESSVQ GSCRSPENKF QIIKQEPMEL ESYTREPRDD180 RGSYTASIYQ NYMGNSFSGY SHSPPLLQVN RSSSNSPRTS ETDDGVVGKS SDGEDEQQVP240

	KGPIHSPVEL KHVHATVVKV PEVNSSALPH KLRIKAKAMQ IK	282
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:	
5	(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	( )) OF OUT N. DE OCUPE PUNO OF OUR NO. 00	
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92  MASLGHILVF CVGLLTMAKA ESPKEHDPFT YDYQSLQIGG LVIAGILFIL GILIVLSRRC RCKFNQQQRT GEPDEEEGTF RSSIRRLSTR RR	60 92
.25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:	
30	(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
.35	(iii) HYPOTHETISCH: ja  (vi) HERKUNFT:  (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(A) ONOANIOMOO. MENOCIT	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93	
45	WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALTL NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA LTVAVVVTSM MYILSASFHT	
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:	

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
·	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97		٠
15	FFPLLLPLHT PVAGRNLGFP ESLGVPPFLP HPGGTPRAPG LFLLLFSFWA V		51
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:		•
20	<ul><li>(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	٠	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98		
	FFLYSFPFTP PWLEGTSASL KAWGSHPSYP TREERPGPRA CFSSCFPFGQ FDH		53
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:		
45	<ul><li>(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		

(vi) HERKUNFT:

- 5	(A) ORGANISMUS: MENSCH			<b>_</b> '	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ	ID NO: 99		· -	
:	(, 0.2.0.2				
10	PLDCATFVFV FLNFFKPRMI SPASFSSPSS Q	TEFKGHFSS	SFWHLQPQSG	IF	52
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10	00:			
15	<ul><li>(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>				
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF			•	
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja				
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :				
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ	ID NO: 100	· · · · ·		
30	PFSSSVSFFG TAPSCLLEGW ILVCALDRYR I PTPGSPSSLL TSTRAVLLFF ILLFYCFCCG H AA				
. 25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10	)1:			
35	<ul><li>(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>			. :	
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF			·	·
,	(iii) HYPOTHETISCH: ja	•	-	•	
45		,			*
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH				

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

PCT/DE99/00722

E	LFFFCFLFWD CAIMFIRRLD FGVCSRQIQN NSGQPLLPAD LNKGCAIVFY FIILLLLLWS CLRSGL			FHSEAEGAKS:	
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1	102:			
10	<ul><li>(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>				-
-	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		٠		
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja		• .		
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :			·	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SE	Q ID NO: 102	•		
25	IDFEGKERGK GQGRDTPPLP LSWAQKLGGG TPLLRSFIQK NIS	RERIFTFFKL	LFSEWNKLGQ	GAQALSSVPH	60 73
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1	103:			
30	<ul><li>(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>				
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	•			
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		•		
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		
	( )) 0501/51/7 D5001/D51/01/00 05				
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SE  ILRGRREGRV RVETPLPCPF PGPRSWGEGG			PRPCPLSLTP	60
٠.	LCSVHSFKKT FLEHLLCPAY ARPTS*VCVG WGSPGSPTKL SPSPVPTHLL QPPA				120 144
50	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:	104:			•

5 ·	<ul><li>(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja
٠	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
15	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104
20	CRPTIFTPRP PALGEGSTTT SPLDIPLGTG MWVPLTVRPW GEPKALTSGI AMLGGGASET 60 VGRQDILGAA PSQQGIRQGA VGDGLAQGKG TAWSGFLEIP KPHRRSHLLQ IPQRHR 116
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:
	(A) LÄNGE: 22 Aminosäuren (B) TYP: Protein
25	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF `
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
35	:
. •	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105
40	RMGKEALMSW RRDPPHTLSW WA 22
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:
45	(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren (B) TYP: Protein
	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

	(iii) HYPOTHETISCH: ja
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
. 10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:109  GAGPWEAFPD GIGRRSRRAR LPQYKRPPGG GGGGDSGRRN MAVADLALIP DVDIDSDGVF 60 KYVLIRVHSA PRSGAPAAES KEIVRGYKWA EYHADIYDKV SGDMQKQGCD CECLGGGRIS 120 HQSQDKKIHV YGYSMAYGPA QHAISTEKIK AKYPDYEVTW ANDGY1 65
15	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:
20	(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111
35	PSSPSLPVLR AGLRPFCDVL PGCGCVRFLC SCL 33
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:
40	(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
<b>45</b>	(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112	
5	ETCAGAGRCA ADGGNGSGSR VPPASRCCAL G	31
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:	
0	<ul><li>(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
5.	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	•
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
0	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113  KRAQAPAAAL QMAEMDPVAE FPQPPGAARW AEALLRCFTW LRLCQISMFL SLKCLNTRSS HLGAHCR	60 67
0	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:	
35	(A) LÄNGE: 246 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	•
,	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
10.	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114	
50	GCVAGSAGLS RKSPWTEVET ETFLGSPRYS RRVRSCYWLL GLMAVRASFE NNCEIGCFAK LTNTYCLVAI GGSENFYSVF EGELSDTIPV VHASIAGCRI IGRMCVGNRH GLLVPNNTTD QELQHIRNSL PDTVQIRRVE ERLSALGNVT TCNDYVALVH PDLDRETEEI LADVLKVEVF	

	RQTVADQVLV GSYCVFSNQG GLVHPKTSIE DQDECTFVPETT	LSFQV PC	CGDVNEAL	SDSWDVYNVS	240 246
5	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:		•		
	(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren (B) TYP: Protein				
0	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear			. · ·	•
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF				
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja		•		
	(vi) HERKUNFT:		•	- -	
:	(A) ORGANISMUS: MENSCH				
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID N	O: 116			
	MGYNLSPQFT QLLVSRYCPR SANPAMQLDR FIQVC EDFVTMTASR ML		EAFREKDT	AVQGNIRLSF	60
25	EDIVINIASK MI				. <b></b>
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:				
30	(A) LÄNGE: 35 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel				
	(D) TOPOLOGIE: linear				
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF				
7	(iii) HYPOTHETISCH: ja			• •	
	(vi) HERKUNFT:	· .		· · · · · ·	
40	(A) ORGANISMUS: MENSCH :	· · .		•	
,	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID N	O: 117			
45 .	EHTHRCSDQL RLATVSNSVA SKREVYLCPA IGHLG	i			35
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:	. •			
50	(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren				

	<ul><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	•
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118	
15	ATLWLAKEKF ICAQPLVTLG DAPDSRQMLV HWPSSSFLLK	
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119:	: *
	(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
25	(D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF	, <del>*</del> *
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
<b>30</b> .	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119	•
. •	QKRSLFVPSH WSPWVMHQIA GRCWFIGLRP LSS	
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:	
45	<ul><li>(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
5	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120
10	LSSSRSFIST SWGAFVFFCL LSCGSLVLAG FEGASTSMAV FSFWASRICW RSFLRFFPDS 60 VMLARALDAR FLRWCRVISP WSITAPTTRC LRRRSRFNTR RRLNSFFFSS VRGRLIFPPG 120 APIVAIPLQF TVRTSAQRRI RGLRPGLPRA NRNSGAGPRA I 161
15	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:
	<ul><li>(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121
	FFQSARALLQ MELTAREALL QSFFCTFFPP KDIPLGEVSR PLGRRKSGE 49
<b>35</b>	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:
	(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel
40	(D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

	KGALLLSKSS ETTTESEGWL QLRIF	25
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:	
5	<ul><li>(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	 ·
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123	
	WKRFSSHLQG PSFLHPGGLL SSFAF	25 .
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:  (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
30	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124	
45	WLLQLKPHLL AHHPPKGLPH RGAPLYSPRT RPRVAIGPRK AGAEPADPAL SGSTDRELEW NRDYGSSGGK DQPAPNGAEE EAVQTPAGVE SGAASEAPGG RGCDRPRADH AAPPQEAGVQ CTCQHYTVRE EAQKTPPADP ACPEREDSHG SGSPFKASQD	60 120 160
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:	
50	(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren (B) TYP: Protein	

(iii) HYPOTHETISCH: ja

	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128	
15	LILLOGILLO COLLEGE CONTROL CON	60 78
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:  (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
<b>25</b>	(D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  (iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129	
:	VILLETTING DECEMBER - CONTINUE -	60 10
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:	
45	(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH			
5			·	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130			
10	SLPADVPCCP PPHPAQNHPC IPQGTRARVP KIDKRHTETD ( PLIPSKMRKT CRHPPTLMPG RWEEEVGNFP SQYPQERLSL (	QLAARQPQRR QC	ETFRQRKVSL	60 102
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:	٠		
15	<ul><li>(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>			
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		,	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja			
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	. *		, .
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131			
	LCQLMCPVAP HPIPHRTIPA FHRGLGQGCR R	•	•	31
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:			
	<ul><li>(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>			
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		•	
•	(iii) HYPOTHETISCH: ja	•		•
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		·	
50	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132			•

-30

PVV

	· .			
GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS LQRVIPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKFDL FHEHLKAGEF PQPDFPDDYN LGDIFLGVEY	GIICVDNKNI	QHINRIYRDR	LPEMSLVIRN NVPTDVLSFP	60 120 166
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1	133:			
<ul><li>(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>			·	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF				
(iii) HYPOTHETISCH: ja				
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH			· .	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SE	Q ID NO: 133	,		
FDPKLLEGKV KEDPDQGESM KPLTFARFYL LKPGHAAAFS EDCDSASTKV VIRGAGNQYN ANLTEWKRQN ITNQLEKWMK LNVEEGLYSR LGSSAGKRYS PQFVKAAKLL HWNGHLKPWG SNIK	YIGYLDYKKE TLAGSITTPP	RIRKLSMKAS LLIVFYQQHS	TCSFNPGVFV TIDPMWNVRH	180
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:	134:			
<ul><li>(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>				
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF				
(iii) HYPOTHETISCH: ja	•			
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH			·	
• •	EQ ID NO: 134	1		

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

5	<ul><li>(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID	NO: 135	
20	DYLRLSSGFC QNTPLTESTE GMGVGGLGRV RLEC LAIPNPLPR	CEGSLIY AELKSPSLYV HTFVLFSRLI	60 69
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:		
30	<ul><li>(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>		
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja		
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID	NO: 136	
	QPFRYFNTPL SILHFPHLSK LNLVHRVGLC MCM	QEVGVDS ALGWNPP	47
45	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:		
50	<ul><li>(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li></ul>		

(D) TOPOLOGIE: linear

	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF				
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja	•			
			-		
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH				
10	:			<b>.</b>	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SE	Q ID NO: 137	7		
15	VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET RRAKLRLQQQ QRHVEINLLA YHG	GCCTYYYELW	WFWLLWTVLI	LFSCCCAFRH	60 83
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:	139:			
20	(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren (B) TYP: Protein			* * * * * * * * * * * * * * * * * * *	
	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear			·	٠. ٠
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF			<i>*</i>	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		•	: •	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH				-
	(A) ORGANIGNOS. MENSON				
1	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SE	EQ ID NO: 13	9 ·	•	
35	WKSWQLHRML LTRTEFWYLS TEVSTMFTCK PGLFSFYNSS SIHNDFVLCS IFFNPLSI	RLRKKPLKWI	GIQSSFSVTH	OSDKRLVTTL	60 88
<b>40</b>	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:	140:	· .		
	(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren (B) TYP: Protein				
45	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear		. •		
-	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF			·	
· /	(iii) HYPOTHETISCH: ja				

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		
:	¢ .	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID N	O: 140	
		21
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:	·	
(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren		
	·	
(D) TOPOLOGIE: linear		-
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID N	IO: 141	
MEIEQVHFPA YRQLYTDLNI FSSCLVKVKE KGFFL	PQDIT FFYITSITHH CFWWK	SAE 58
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:		
(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren		
• •		•
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID N	IO: 142	
	(A) ORGANISMUS: MENSCH  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO CYMHFLTFVK NVTIVKKCTK M  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:  (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  (iii) HYPOTHETISCH: ja  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH  :  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID N  MEIEQVHFPA YRQLYTDLNI FSSCLVKVKE KGFFL  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:  (A) LÄNGE: 21 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  (iii) HYPOTHETISCH: ja  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	(A) ORGANISMUS: MENSCH  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140  CYMHFLTFVK NVTIVKKCTK M  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:  (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  (iii) HYPOTHETISCH: ja  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141  MEIEQVHFPA YRQLYTDLNI FSSCLVKVKE KGFFLPQDIT FFYITSITHH CFWWK  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:  (A) LÄNGE: 21 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (iii) MOLEKÜLTYP: ORF  (iii) HYPOTHETISCH: ja  (vi) HERKUNFT:

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:	
5	(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	•
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143	
20	SVTKSGFLIP CHLGDFILLC CFKIQCREVV DCRGNKVNSN FEKK	44
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:	
	<ul><li>(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
30	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144	
40		60
	CKLHFSS	67
45	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:	•
	(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren (B) TYP: Protein	
<sup>′</sup> 50	(C) STRANG: einzel	

	(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
•	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145	
5	KVHTILHFST KSSGVLCLLY KKKLYPVAGK TLSLSLLLNN WRKCSSLYKV AYKLESELVQ SPFTF	60 65
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:	
20,	(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
	(D) TOPOLOGIE: linear	
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	٠.
-	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146	-
35	KIWSREQNHC EWMNCCKMKK VQAKLLQVFC HFDESQKMNF GYLSTLRVFS LIFCM	55
<b>4</b> 0	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:	
	(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
45	(D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	• •	

(iii) HYPOTHETISCH: ja

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
5 ·	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147	•
	The state of the s	60 13
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:	
15	<ul><li>(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148	
30	~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~	60 88
(	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:	
35	(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

VVEGPDCGHH GDAGAEVPRC LWPRSGIO HTRGSEDLDK DSVEKLELGC PFSPHLSI NRGLEDGESW EYQI				60 120 134
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID N	O: 152:		,	
(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear				
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF				
(iii) HYPOTHETISCH: ja				
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH		·		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG:	<b>SEQ ID NO: 152</b>	2		
MKVSAALLCL LLIAATFIPQ GLAQPDA KEAVIFKTIV AKEICADPKQ KWVQDSMI		RKISVQRLAS	YRRITSSKCP	60 99
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID N	O: 154:			
(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear				
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF				
(iii) HYPOTHETISCH: ja		. ?		
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :			· .	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG	: SEQ ID NO: 154			
VFFFTAENWW YFHIHSVSIQ FQYPHLM	RKK CFTNEGGILK	LAVMLGWRKF	GI	52
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID N	IO: 155:		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
(A) LÄNGE: 25 Aminosäurer				

(iii) HYPOTHETISCH: ja

	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
16	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155	
15	FFFLLQKIGG IFTFIVFLSN FSTHI	
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID`NO: 156:	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
	<ul><li>(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	*
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156	
	ISCNVRLEKI WYLGYFQGTI KSDFCFFVKK NFFNQYCFYK	•
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:	
45	<ul><li>(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	,

	A.: ALEDIZIMET.	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
5	(A) ONO/MIOMOO. MENOON	
•		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157	
10	NANYCIHHKL KKRTCIRRLK TRKKIQHPNM YSQEGNQFCN RTGIMNYKQE GVEKEEKKMC IEFKTL	60 66
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:	٠
15	(A) LÄNGE: 23 Aminosäuren	
	(B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel	
	(D) TOPOLOGIE: linear	
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(iii) TTT OTTETIOOTT. Ja	
25	(vi) HERKUNFT:	
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
		٠.
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158	
30	(XI) GERGENZ-BEGGINGEBONG. GER ID NO. 100	•
	PCCEVLAGVG NVWKCSQQVC WGV	23
•		
•	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:	
35		
	(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren	
•	(B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel	
40	(D) TOPOLOGIE: linear	
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
45		
	(vi) HERKUNFT:	
,	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
50	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159	

	PAVKSWQVLV MCGNAVSKFA GEFDKSIKQN I EGGEQVY	KKSLGIILFH	DFFCSFTPEG	RNGLQQVVEE	60 67
. 5				•	
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10	60:			
	(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren	,			
	(B) TYP: Protein				
10	(C) STRANG: einzel				
	(D) TOPOLOGIE: linear			•	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	٠.			
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja				
	(vi) HERKUNFT:			, <i>.</i>	
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	-	•		
20 .			•,		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEC	) ID NO: 160			
25	EGEPACSGIQ ARRVTPCPSP RDASPAPASE 1 DRAARPSWLT LQLALGWGGR ELMSVASLSW (			GSGPTPGPAE	60 108
• •	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16	61			
30	(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren				
	(B) TYP: Protein			•	•
	(C) STRANG: einzel				
	(D) TOPOLOGIE: linear				
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF				
•	(iii) HYPOTHETISCH: ja			*	
40	(vi) HERKUNFT:			•	
40	(A) ORGANISMUS: MENSCH				
					•
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEC	Q ID NO: 161		•	
43	FCSTTSSVAL HQKEGMGYSR				20
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10	62:		·	

	<ul><li>(A) LANGE: 61 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	••
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162	
	IPGLKYFVGI AYYIILADEP QDNGYRHTHT YTHTKSQLLK SGLGIRLLCP VKNSCTEVIV	60 61
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:	
25	(A) LÄNGE: 22 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
.30	(iii) HYPOTHETISCH: ja	•
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163	
40	LMNLRTTATD THIHTRTQNL SC	22
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:	
45	(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	÷ .
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORE	

•	(iii) HYPOTHETISCH: ja
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164
10	TSGQRLQTHT YIHAHKISAV EEWAWNQTSV SSKKLLH 37
•	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:
15	<ul><li>(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
,	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165
30	TVPFSVSASG FHLIFFALPI LFQPVAKNHE TRQWKHRHRR RGPSCALKAG KTASGAGEVV 60 RCLSEQSVAI SR 72
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:
35	(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel
40	(D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168			
	LISTSEEVLT FSMLHRNWYN MPSVY			25
5	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169			
10	<ul><li>(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	•*		
•	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF			
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja			•
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	·		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169		* :	
25	LKLLAWSYLH SFCVLFASCI			20
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:			
30	<ul><li>(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>			
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja	·.		
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	·		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170		· .	
45	LLACCTETGI TCLQYTNTHM LSFVLFWQLT RS		:	32
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:			
50	(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren			

	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171	
15	IALSCCFNVV HTIASQTCYS SVICSVVTKV TGLVLFAQFL RLVCFLHLIN	50
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:	
	(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	٠.
25	(D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172	
	EHYTIGFQYC THKIHTCVQK VSSSRLVIPF TWKINEGNLY ILYKNKSKFI Y	. 51
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:	
40	(A) LÄNGE: 239 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

-	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
<b>5</b> ,.	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173	
10 -	LFIHFRNNTN NWREIPENLM DQYSEVNAIS TACSNGVPEC EEMVSGLFKQ WMENPNNNPI HPNLRSTVYC NAIAQGGEEE WDFAWEQFRN ATLVNEADKL RAALACSKEL WILNRYLSYT 1: LNPDLIRKQD ATSTIISITN NVIGQGLVWD FVQSNWKKLF NDYGGGSFSF SNLIQAVTRR 1: FSTEYELQQL EQFKKDNEET GFGSGTRALE QALEKTKANI KWVKENKEVV LQWFTENSK 2:	80
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183	
15	(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183	
	YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG	60 09
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:	
· .	(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren (B) TYP: Protein	
<b>40</b>	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
45	(iii) HYPOTHETISCH: ja	

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184	
5	SLFLSSTGVS APLQGQSKSL HPEPPPIPVH FSR 3	3
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:	•
10	(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja	. •
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185	
25	HSFSARLEFL HLCRGKVSPC TLNHPPFLFI SADNDGGGGV SIVLRV 4	6
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:	•
30	(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
. j	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186	
45	VEGTCSDGVF SGFLAPGCAV HRPHRPWPQH PQQGQWKCQS SKCHHFPLSL SLSPPATCLT 6 HGSNQAHRAT DAASLTTGTK QRERDNRHPP ISFSKCLWMR GRQIR 10	0 15
50	(2) INFORMATION ÜBER SEO ID NO: 187	

	(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
5	(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
15		
13	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187	
20	RGHAVTEYLV GSLLLAVQFT GPTGLGPSIP SRDSGSVRAV NATTSLSASP CPRQPPASPT 6 ALTKPTEQLT LPV 7	
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:	
25	<ul><li>(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
30	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188	
	MFFIFFMLSI QALFHGQQVI FHNVDFPK 2	8
45	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:	
50	(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	

(vi) HERKUNFT:

	·
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
•	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
0	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189
.5	LLNTAILWLL LVFLWYVVWE CLWNYQYLKF SKEPWKSITL NESLSLYMNY VLKFDQLSLR 60 HKTVI
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:
!Ò	(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190
35	CFSFFSCYLS KHCSMVSKSY FIMWIFQNNY 30
•	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:
<b>10</b>	(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja

	(A) ORGANISMUS: MENSCH
	( ') 0501 JENZ DE001 IDE1D1 NO. 050 ID NO. 404
5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191
,	FFFFVTNVFY LFINKKCIVQ ALYPNPSTQK KINNRPWMAQ T
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192
10	
	(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
	(B) TYP: Protein
	(C) STRANG: einzel
15	(D) TOPOLOGIE: linear
13	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
20	
	(vi) HERKUNFT:
	(A) ORGANISMUS: MENSCH
•	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192
•	YKPFIPIQVL RKRLTTDPGW HRHNLFGVI
30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:
	(A) LÄNCE. 22 Aminostuma
	(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren (B) TYP: Protein
	(C) STRANG: einzel
35	(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
40	(m) 1.1.1 - 1.1.
	(vi) HERKUNFT:
1	(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

SSHMVTNTYD FSFRNIIRRL NLLLQQQKFN PLN

**EKSS** 

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:	194:			
(-)				
(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren				
(B) TYP: Protein				
(C) STRANG: einzel				
(D) TOPOLOGIE: linear				•
(::) MOLEKÜLTYD. OBE				•
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF				
(iii) HYPOTHETISCH: ja	. •			
(,				
		•		
(vi) HERKUNFT:				
(A) ORGANISMUS: MENSCH				
<b>:</b>		•		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SE	O ID NO: 104			
(XI) SEQUENZ-BESCHINEIDONG. SE	.Q ID NO. 194			
TPLRKEVLKS KMGKSEKIAL PHGQLVHGIH	LYEQPKINRQ	KSKYNLPLTK	ITSAKRNENN	60
FWQDSVSSDR IQKQEKKPFK NTENIKNSHL		QKENYAGAKF	SDPPSPSVLP	120 153
KPPSHWMGST VENSNONREL MAVHLKTLLK	VQI			133
			*	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:	195:		•	
(A) L T NOT 004 A				
(A) LÄNGE: 304 Aminosäuren				
(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel				
(D) TOPOLOGIE: linear	•			
(b) for observe misch				
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF			•	
	•			-
(iii) HYPOTHETISCH: ja	•	. ` .	,	
(vi) HERKUNFT:	•			
(A) ORGANISMUS: MENSCH			•	•
•	•			
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SI	EQ ID NO: 195	5		
(, 55				
SLYYYGIRDL ATVFFYMLVA IIIHAVIQEY	MLDKINRRMH	FSKTKHSKFN	ESGOLSAFYL	60
FACVWGTFIL ISENYISDPT ILWRAYPHNI	MTFQMKFFYI	SQLAYWLHAF	PELYFQKTKK	120
EDIPROLVYI GLYLFHIAGA YLLNLNHLGI	<b>VLLVLHYFVE</b>	FLFHISRLFY	FSNEKYQKGF	180

SLWAVLFVLG RLLTLILSVL TVGFGLARAE NQKLDFSTGN FNVLAVRIAV LASICVTQAF 240 MMWKFINFQL RRWREHSAFQ APAVKKKPTV TKGRSSKKGT ENGVNGTLTS NVADSPRNKK 300

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren (B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:201	
KMTTAARPTF EPARGGRGKG EGDLSQLSKQ YSSRDLPSHT KIKYRQTTQD APEEVRNRDF RRELEERERA AAREKNRDRP TREHTTSSSV SKKPRLDQIP AANLDADDPL TDEEDEDFEE ESDDDDTAAL LAELEKIKKE RAEKGQGPGK GPRAKKALRG GRVSFWENIG WAGNPFPLIL SLAHSKLKAD FEKFERRV	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:	
(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren (B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	-
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	•
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:202	•
VLIFLVFLLD GKAVGINRGQ RLMLEWPVEV VEQSSHLLSG AVSGWVYLKA TKCFG	55
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:	
(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  (iii) HYPOTHETISCH: ja  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:201  KMTTAARPTF EPARGGRGKG EGDLSQLSKQ YSSRDLPSHT KIKYRQTTOD APEEVRNRDF RRELEERERA AAREKNRDRP TREHTTSSSV SKKPRLDQIP AANLDADDPL TDEEDEDERE ESDDDDTAAL LAELEKIKKE RAEKGQGPGK GPRAKKALRG GRVSFWENIG WAGNPFPLIL SLAHSKLKAD FEKFERRV  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:  (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear  (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  (iii) HYPOTHETISCH: ja  (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH  (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:202  VLIFLVFLLD GKAVGINRGQ RLMLEWPVEV VEQSSHLLSG AVSGWYLKA TKCFG  (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203: (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren (B) TYP: Protein

	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	٠.		
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja			
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	·		
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:203			
	SPGFFLSLPF STGXAWASSS CHPSRKAPAP SCLPAACIQG EGAFKK	QSSGLQTGLV	PPPLQGMGVG	60 66
15	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:	·		
20	<ul><li>(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>			
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF			
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja		•	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :			
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:204	. •		
35	HLGYGKLLWC VVGFLFSFLS FFSPFSLLAF SFPFPSPLAK QHASKARAQA CRLGWCLLRF RVWELVKGLS KNNKKKKVKS LGMSSCQPGQ DPGLPRAEAL PATRIPPLWG LCVQRSGSET	LVASIHSDPG	RQQGFVDLDS	
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:			
	<ul><li>(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>			:
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF			
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		•	

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	•
5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205	
	LDLVFIVEH TYQGEVLHTQ LQIIFGKKAV KKIKLQLL	37
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:	
10	(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
15	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206	
	ENYFAFSVNL RSVLNKVQSS ARPFPSLMSA LG	32
30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:	
35	<ul><li>(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	·.
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
40	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207	
	CMLQINLYFF PLGFSKNTTT STPNEHGTCL FLPLLIYSRF SSVFFSNAAF SCSSGLLSGS	60 102

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:					
5	<ul><li>(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>				• .	
0	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	, .·				٠,
	(iii) HYPOTHETISCH: ja					
.5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH					٠
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208					
	VLFSKEYVID LQVSSRISAK ASGSACSSSK SINP			٠	•	34
!Ś	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:			•	-	
-	(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel					*
80	(D) TOPOLOGIE: linear					
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF					
	(iii) HYPOTHETISCH: ja		. ,			
35	(vi) HERKUNFT:		ž	٠,		
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	٠	, .			
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209			•		
•	VAHWQGDQKH YFHTCVMILF FLRESHSVAR LGVQWHDLGS	ĿQP	-			43
45	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:					
	(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel					
50	(D) TOPOLOGIE: linear				•	

	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 210	
15	KMYMEFPQLY NNSVVCSFLP EVIYKMRQTD RDVITALTHR PWSLSHTGDG KPRYDTFWKH FIFVMMDILL DWSMHNILWY LCGISAFLMQ KDFVSPAYLK KWSAKGIQVV GWTVNTFDEK	
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:	
	<ul><li>(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	-
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
30.	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 214	
	SFKVTLWKSE TRGCHEGSFS FSEEKIGMGY RTI	3:
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:	
40	(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	,

45 ·

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 215	
	NSKVDVIFTP MSICPISVSS SPLGIYSLYV NKIRSSDSLI QSSSFSSLFL CRLLDIYCST	60 61
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:	
15	<ul><li>(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	· .
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja	æ
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
25		
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216	
	PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF	24
<b>30</b>	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:	•
	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE:1880 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure	
35	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs	
40	(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
	(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	
	(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 217:

```
5
    CGCCGGGGGC CGGGGGGGC CCAGGGGGGG GCCCGGGGCC GGGGCCCTGC CTGAGGCGAG 60
    AGCTGAAGCT GCTCGAGTCC ATCTTGCCAC CGCGGCCACG AGCGCTTCCG CATTGCCAGC 120
    GCCTGCCTGG ACGAGCTGAG CTGCGAGTTC CTGCTGGCTG GGGCCGGAGG GGCCGGGGCG 180
    GGGGCCGCGC CCGGACCGCA TCTCCCCCCA CGGGGGTCGG TGCCTGGGGA TCCTGTCCGC 240
    ATCCACTGCA ACATCACGGA GTCATACCCT GCTGTGCCCC CCATCTGGTC GGTGGAGTCT 300
10
    GATGACCCTA ACTTGGCTGC TGTCTTGGAG AGGCTGGTGG ACATAAAGAA AGGGAATACT 360
    CTGCTATTGC AGCATCTGAA GAGGATCATC TCCGACCTGT GTAAACTCTA TAACCTCCCT 420
    CAGCATCCAG ATGTGGAGAT GCTGGATCAA CCCTTGCCAG CAGAGCAGTG CACACAGGAA 480
    GACGTGTCTT CAGAAGATGA AGATGAGGAG ATGCCTGAGG ACACAGAAGA CTTAGATCAC 540
    TATGAAATGA AAGAGGAAGA GCCAGCTGAG GGCAAGAAAT CTGAAGATGA TGGCATTGGA 600
    AAAGAAAACT TGGCCATCCT AGAGAAAATT AAAAAGAACC AGAGGCAAGA TTACTTAAAT 660
    GGTGCAGTGT CTGGCTCGGT GCAGGCCACT GACCGGCTGA TGAAGGAGCT CAGGGATATA 720
    TACCGATCAC AGAGTTTCAA AGGCGGAAAC TATGCAGTCG AACTCGTGAA TGACAGTCTG 780
    TATGATTGGA ATGTCAAACT CCTCAAAGTT GACCAGGACA GCGCTTTGCA CAACGATCTC 840
    CAGATCCTCA AAGAGAAAGA AGGAGCCGAC TTCATTCTAC TTAACTTTTC CTTTAAAGAT 900
20
    AACTTTCCCT TTGACCCACC ATTTGTCAGG GTTGTGTCTC CAGTCCTCTC TGGAGGGTAT 960
     GTTCTGGGCG GAGGGGCCAT CTGCATGGAA CTTCTCACCA AACAGGGCTG GAGCAGTGCC1020
     TACTCCATAG AGTCAGTGAT CATGCAGATC AGTGCCACAC TGGTGAAGGG GAAAGCACGA1080
     GTGCAGTTTG GAGCCAACAA ATCTCAATAC AGTCTGACAA GAGCACAGCA GTCCTACAAG1140
     TCCTTGGTGC AGATCCACGA AAAAAACGGC TGGTACACAC CCCCAAAAGA AGACGGCTAA1200
25
     CCCTGGAGTA TCACCCTTCC TCCCTCCCA GGCACCACTG GACCAATTAC CTTTGAATGC1260
     TGTATTTGGA TCTCACGCTG CCTCTGTGGT TCCCTCCCTC ATTTTTCCTG GACGTGATAG1320
     CTCTGCCTAT TGCAGGACAA TGATGGCTAT TCTAAACGCT AAGGAAAAAA AACAAACACA1380
     GAACTGTTTC AAGTACTCAA GACTGACTTA CAGACCAACC AACCACCTTG CTGGAACCCT1440
     TGCTAGCAGG CATTCTTATA AAAGAAACTT TCGAGCCTCC TTATATTGCT GGAAACTCAG1500
30
     CTGTGCTCCA GACTAGAGCC TCCTTACCTA TGCTATGGAT TTTTAATTTA TTTTCTCTTA1560
     TTTCATGTAC ACTGCTTTTT TTGGTTACAG TGTATGATGG ATGTGTATGA AAAAAATGTA1620
     TCTTTGGGAA AACAATTACA GTTTGTTAAT TTGGAAAAAA AAAAAATGAC TCATCTTTAT1680
     TTTTATTCGC ACATCCCACC CCATCCCCTG GAACTACTTG GGGAGGTGGG GAGGGGTACG1740
     AGTCCACTGT TGGCTTGGTA GGAGATGAGA GGCCGCATTT GCTGCTTAAG CAAGGGGAAC1800
35
     TGGGGCTGAG CACACACCGG GGTGCCCCCG GATTTTTCCT CAAGGGCTCT GGAGCAACGG1860
     CACCGGCCCC TTGGGATGCA
```

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1024 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

50 -

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 218:

```
GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA
10
    GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG 120
    GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG 180
    CTGGAGCTCT CGGTCCTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG 240
    ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT 300
    TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCACTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG 360
15
    CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCCA GGGCTTCACT 420
    GAATTCACAA TTGAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG 480
    CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT 540
    GTGGTCTACC TGCGGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG 600
    CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG 660
20
    TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC 720
    CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG 780
    GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTCTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA 840
    TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCCT CTGCCAGGCG CTAGACATGT 900
    ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTCACC CCCTTCTTCC TGTCACATGA 960
    AAAA
```

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30

35

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:2383 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 219:

```
CCCTTCATTA AAGCCCTCCT AAATATAACT CTTCTGTATC AAAGGACTTA CAAATGTCTC 60
    AAGAAAGTAA TGGTGTAGCA GTGTAAGAGA AGTAAAAGTC TGCTAGGGGA AACTAATGAA 120
    GCATTTTCCT CATTACACTT TTGGGTTGAT ATATTTCATT AAGACAGAAC TAGTTCTGTT 180
    TTGCTTTGCT TTTTAGTGCT TAGTCTGAGA GGCAATGCGA GAAACCAAAA GTCTTAGGAG 240
    AAAAACTGCT TTCATAATTT CCAGTGTAAG CCACAAAGAA GCTTTTCTAT AAAGGCTTGA 300
    AAGCTTGAAG AGGTGACAAG AGCAAGCTGT ATTCAATTAG ACAGTTCAAT AAATATGCAA 360
    AAATAAAAA ACACTTATCA ATCATGAGTA TACTGTTTGT ATTCTGGAAA AAGCAACATA 420
    TTTCATGCTT TGAATATTTT CTCTTGAGAA TAGTTTTAAA GTTATTTCCT TTTGTAACAT 480
    TCAAAAGTAA AACACACATA TATAATTCCA TCAAGGATTC TCTGTATGAT TAACATTCTG 540
10
    TACAAGTCAA ACATGACCAC ATCTATATTG GAAAGAGAGC ACTGAGAAGC AACAGCAGGA 600
    GAATGCATCA CCTGTGCCTG TTTCAGGATG AACAGTTTTG TTAAGTTCAG CAGATGAATG 660
    TAACAATGAC CACTTGTTTC CAAATACCCA GATGTTTCTT ACTGGCTCCT CACTAATCAA 720
    TAACACAAGT GCTAAGTTCT AAGTATTTAA AAAAACAAAA GACTGCAGGT GACTCCTTCT 780
    CTCTGGTCCC TTTACCAAAG CTCCAAATCA CTTATGACAT TAATTACAAT ATTCTGCACT 840
     CCAAAAAAAT ATGCAAACAC AGGTTTGCTA AATTTTAGTT ACTCAGTGAA CCTACTAAAT 900
    TTTAAAGTAG AAAAAAGACT TACATTCTCA TGACACAAAC TTTAGTTTTC ACATTCACCA 960
    AAACATTTTA AAATCACTCA AACATGAGAA TTGAAAATGT GTGTGCTTAT TTGGGAGAGG1020
    ATTACTGCAT TTATTCTCCA GAAAAAAAGG CAGACCTGAG GCATCACATT ACCGGAACAT1080
     TTAAATATGA TGACATGTTT CTTATCTTCT AAACTTCAAC GAAAGCTGCT TGTACAAACT1140
20
    ATTTAATGCA TATCTGCCCC ATTAAACAAG ATATTTGATG TAGCAGAGAA GCCAGAAGCT1200
     GAGTCACTTC ATTTCTTTCT GTTGCCTCCA GTTGCCAGCA TAGTTGCAAC TCGCATAAAT1260
    ATATTTAATG TATCCATGTA GATACTCAGC ATCGAGTTAA TGGGATCATA TTTTTGAACT1320
    CCATACATTG GTGATACTTC TGCACGCTTG ATTACTTTCT GGGTATCATA CAGAAGGAAC1380
    ATGCTGAAAA GAACTAATCC ACCGTACATT GCCACTGAGT AAAGAGTGGC ACCAGCCACG1440
     GGTGGTAGGT GGAAGAAACA TAGATCCCAA TGAGGACACA AAGACGAGAC CCAGGCCCAC1500
     TCCCAGGGGT GCACCCATGT TCAGAAACTT TTCACTGGGC GCACACATGG CCACAGTGGA1560
     GAGGCCTCCC ACAATGCCAG CTGTGTACCA TGCAGCTCTG ATGAGAAGAG GACCCCCTAA1620
     TATTGTCAGA GGAGCCACCA CTGCACCCAT CACACCAGAA TGTAGCAACC AAGCAAGATG1680
30
     CTTTGGGCCT GGGCTCTGGT CATATGGTAT TGATCGTACC AGCATTCCAG CTCCAACCAT1740
     GGCTGCAAAG GTCACACCAA TTGTCACCCA AGAGCCTCTC ATCATGAAGT TCATGAGAAC1800
    AGGCGTTCTG CTGATTGCTA TGGCAGACAA AGCTGTTAAA CCAATACTCC CTGCTAAGTA1860
     CATATAGGTG GAATGAATTC TATCCTTGAC ATACTGAGGC CAAATTACAG CCTTTTCAAT1920
    AGCTCCAATC TCATTAGACA GTCCCAAGCC ATAGTAGCAC AATGCTCCAA GACCAACAGC1980
    AGCCCCTCCA GCAACAAACC ATCTTCCCAT CTGATCAATT TTAAATATTT TTTCCATCGA2040
35
    TGGTTCCAAT GCTGCCTCTT TGAGTTCTTG GCCAGTTCTC CCACGCCGGA TCCCAATTCT2100
     TGTTTTGGTG GCATATTCCC TGCTAGGTGT TAACAGCCAT TGATTCTTCG TGATGGAATT2160
    CTTCACAACA GGGGAGGCCT TGGTGAAAGC TGGGTGGAAA ACCCTAGAAG GTAGTGTCCG2220
     GAGACACCC AGCCTTGCAG CCAACATGGT GGTGGTGCAC CAGGTCTACC GAGCAGATCT2280
     GAAATGCTCG GTCCCCGGTC ACCTTCGCCT CGCAGTTTCC CTTCCGGGCC CCTAGCGTCG2340
     GCCTCAAAGA GCACAGTTCC TCCGGCGCAC TGCATGTCGC AAC
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:3210 Basenpaare
  - ; (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

GCAAGGCCTA CTGTCGGCTG GGAGGGGAGG TGTAGCCGGT CTTTGGGGGT AGGCGGTAGT GGCGGAAGAG GTTCGGCGGC TGATGGCGGA TCAGGATCGG AAGCCTGCGT AACTTTCTCC 120 CTTGATCCGG GAGTCTTTCC ACTGGATTCA CAATGACATC CTTTCAAGAA GTCCCATTGC 180 15 AGACTTCCAA CTTTGCCCAT GTCATCTTTC AAAATGTGGC CAAGAGTTAC CTTCCTAATG 240 CACACCTGGA ATGTCATTAC ACCTTAACTC CATATATTCA TCCACATCCA AAAGATTGGG 300 TTGGTATATT CAAGGTTGGA TGGAGTACTG CTCGTGATTA TTACACGTTT TTATGGTCCC 360 CTATGCCTGA ACATTATGTG GAAGGATCAA CAGTCAATTG TGTACTAGCA TTCCAAGGAT 420 ATTACCTTCC AAATGATGAT GGAGAATTTT ATCAGTTCTG TTACGTTACC CATAAGGGTG 480 20 AAATTCGTGG AGCAAGTACA CCTTTCCAGT TTCGAGCTTC TTCTCCAGTT GAAGAGCTGC 540 TTACTATGGA AGATGAAGGA AATTCTGACA TGTTAGTGGT GACCACAAAA GCAGGCCTTC 600 TTGAGTTGAA AATTGAGAAA ACCATGAAAG AAAAAGAAGA ACTGTTAAAG TTAATTGCCG 660 TTCTGGAAAA AGAAACAGCA CAACTTCGAG AACAAGTTGG GAGAATGGAA AGAGAACTTA 720 25 ACCATGAGAA AGAAAGATGT GACCAACTGC AAGCAGAACA AAAGGGTCTT ACTGAAGTAA 780 CACAAAGCTT AAAAATGGAA AATGAAGAGT TTAAGAAGAG GTTCAGTGAT GCTACATCCA 840 AAGCCCATCA GCTTGAGGAA GATATTGTGT CAGTAACACA TAAAGCAATT GAAAAAGAAA 900 ✓ CGAATTAGA CAGTTTAAAG GACAAACTCA AGAAGGCACA ACATGAAAGA GAACAACTTG 960 AATGTCAGTT GAAGACAGAG AAGGATGAAA AGGAACTTTA TAAGGTACAT TTGAAGAATA1020 30 CAGAAATAGA AAATACCAAG CTTATGTCAG AGGTCCAGAC TTTAAAAAAT TTAGATGGGA1080 ACAAAGAAAG CGTGATTACT CATTTCAAAG AAGAGATTGG CAGGCTGCAG TTATGTTTGG1140 CTGAAAAGGA AAATCTGCAA AGAACTTTCC TGCTTACAAC CTCAAGTAAA GAAGATACTT1200 GTTTTTTAAA GGAGCAACTT CGTAAAGCAG AGGAACAGGT TCAGGCAACT CGGCAAGAAG1260 TTGTCTTTCT GGCTAAAGAA CTCAGTGATG CTGTCAACGT ACGAGACAGA ACGATGGCAG1320 35 ACCTGCATAC TGCACGCTTG GAAAACGAGA AAGTGAAAAA GCAGTTAGCT GATGCAGTGG1380 CAGAACTTAA ACTAAATGCT ATGAAAAAAG ATCAGGACAA GACTGATACA CTGGAACACG1440 AACTAAGAAG AGAAGTTGAA GATCTGAAAC TCCGTCTTCA GATGGCTGCA GACCATTATA1500 AAGAAAAATT TAAGGAATGC CAAAGGCTCC AAAAACAAAT AAACAAACTT TCAGATCAAT1560 CAGCTAATAA TAATAATGTC TTCACAAAGA AAACGGGGAA TCAGCAGAAA GTGAATGATG1620 CTTCAGTAAA CACAGACCCA GCCACTTCTG CCTCTACTGT AGATGTAAAG CCATCACCTT1680 40 CTGCAGCAGA GGCAGATTTT GACATAGTAA CAAAGGGGCA AGTCTGTGAA ATGACCAAAG1740 AAATTGCTGA CAAAACAGAA AAGTATAATA AATGTAAACA ACTCTTGCAG GATGAGAAAG1800 CAAAATGCAA TAAATATGCT GATGAACTTG CAAAAATGGA GCTGAAATGG AAAGAACAAG1860 TGAAAATTGC TGAAAATGTA AAACTTGAAC TAGCTGAAGT ACAGGACAAT TATAAAGAAC1920 45 TTAAAAGGAG TCTAGAAAAT CCAGCAGAAA GGAAAATGGA AGATGGAGCA GATGGTGCTT1980 TTTACCCAGA TGAAATACAA AGGCCACCTG TCAGAGTCCC CTCTTGGGGA CTGGAAGACA2040 ATGTTGTCTG CAGCCAGCCT GCTCGAAACT TTAGTCGGCC TGATGGCTTA GAGGACTCTG2100 AGGATAGCAA AGAAGATGAG AATGTGCCTA CTGCTCCTGA TCCTCCAAGT CAACATTTAC2160 GTGGGCATGG GACAGGCTTT TGCTTTGATT CCAGCTTTGA TGTTCACAAG AAGTGTCCCC2220 50 TCTGTGAGTT AATGTTTCCT CCTAACTATG ATCAGAGCAA ATTTGAAGAA CATGTTGAAA2280 GTCACTGGAA GGTGTGCCCG ATGTGCAGCG AGCAGTTCCC TCCTGACTAT GACCAGCAGG2340 TGTTTGAAAG GCATGTGCAG ACCCATTTTG ATCAGAATGT TCTAAATTTT GACTAGTTAC2400 TTTTTATTAT GAGTTAATAT AGTTTAGCAG TAAAAAAAAA AAAAAAAAC CACACCTAAA2460 ATAGACCACT GAGGAGACCA TAGAGCGGAT GCTTTCATGC ACCCTTTACT GCACTTTCTG2520 ACCAGGAGCT ACTTTGAGTT TGGTGTTACT AGGATCAGGG TCAGTCTTTG GCTTATCAAT2580 55 AAATTTTAAT CTCTGTTAAT CTTACCTGCT TTAAAAAAAA GTTCTTGTGT GTTCGTATCT2640 WO 99/46375 193 PCT/DE99/00722

TTATTTATTC CCTAGTTTGC AGAACTGTCT GAATAAAGGA TACAAGGATT ATTTCAATGT2700
TACTGCACTG AAAAACGTGT ATGTATTAGT GTGCTAGATT ATTTAGCAGA ATATTCACAA2760
GTTTCTGTTG ACCTTGTTGA TTGAGCATGA CTACTAAATA TTATGTAATA AAAAGCATTT2820
GTCATAACAG TCTTATGAAG TAGTTCTTCG AATATAGAAA GTTCTATAAT TTAGCCCATG2880
AAATGATAGG TTTTTAATTT TCAGAAATGG AGCTGCATGT AGAATGAGAT CACATGCTTT2940
TATATGTGAA ATATTGGTTT TAGCAATTAA CAGAAGGCAT ACTTTGCTAA TTTTATGGCA3000
AAATTTTAGA ATAACCTGAA TGATTATTTT TAAACTATCT TGAAGTTGTA TGTATATATC3060
CTAATGGGGA AATGGGGCAA GGGATTGTCA GTATAATTGT TTTCCCGATT AAATGGTCCC3120
CATAACCAGG GGGTGTTTGT GGCATAAAAAA TCCATAGGGT ATATAGCAGG ACCTTTTTTG3180
CATTTCCCTG TGGGGATTTA ATTTGGAATT 3210

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1030 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

30

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

CCGCTTTCTC CGCCCAGCTG GAATTTTTGA AGCGAGAAAA TCGACTCGCT CGGTGTTCGC CCGCCGACGC CGCACGGTTG CTGGGGCTGG GCTCTTCCTC GCGGAAGTGG GGAGGAGGCG 120 GTTGCGGTTA GTGGACCGGG ACCGGTAGGG GTGCTGTTGC CATCATGGCT GACCCCGACC 180 CCCGGTACCC TCGCTCCTCG ATCGAGGACG ACTTCAACTA TGGCAGCAGC GTGGCCTCCG 240 CCACCGTGCA CATCCGAATG GCCTTTCTGA GAAAAGTCTA CAGCATTCTT TCTCTGCAGG 300 TTCTCTTAAC TACAGTGACT TCAACAGTTT TTTTATACTT TGAGTCTGTA CGGACATTTG 360 TACATGAGAG TCCTGCCTTA ATTTTGCTGT TTGCCCTCGG ATCTCTGGGT TTGATTTTTG 420 CGTTGACTTT AAACAGACAT AAGTATCCCC TTAACCTGTA CCTACTTTTT GGATTTACGC 480 TGTTGGAAGC TCTGACTGTG GCAGTTGTTG TTACTTTCTA TGATGTATAT ATTATTCTGC 540 45 AAGCTTTCAT ACTGACTACT ACAGTATTTT TTGGTTTGAC TGTGTATACT CTACAATCTA 600 AGAAGGATTT CAGCAAATTT GGAGCAGGC TGTTTGCTCT TTTGTGGATA TTGTGCCTGT 660 CAGGATTCTT GAAGTTTTTT TTTTATAGTG AGATAATGGA GTTGGTCTTA GCCGCTGCAG 720 GAGCCCTTCT TTTCTGTGGA TTCATCATCT ATGACACACA CTCACTGATG CATAAACTGT 780 CACCTGAAGA GTACGTATTA GCTGCCATCA GCCTCTACTT GGATATCATC AATCTATTCC 840 TGCACCTGTT ACGGTTTCTG GAAGCAGTTA ATAAAAAGTA ATTAAAAGTA TCTCAGCTCA 900 ACTGAAGAAC AACAAAAAA ATTTAACGAG AAAAAAGGAT TAAAGTAATT GGAAGCAGTA 960  AAAAAGTTTT 1030

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:1216 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
    - (C) STRANG: einzel
    - (D) TOPOLOGIE: linear

10

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 20 (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
  - (A) BIBLIOTHER. CONA IIBIA

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 222:

		•					
	TCTGTTCTGT	GGACAACTGT	TACTGTTCTT	CCGTGGCCAA	CCATGGCGGC	CACCAGCCCT	60
	ACCCCCGCTC	CGGCCACTTT	CCCTGGACAG	TGCCCTCGCA	GGAGTACTCA	CACCCGCTCC	120
30	CGCCCACACC	CTCCGTCCCC	CAGTCCCTTC	CCAGCCTGGC	GGTCAGAGAC	TGGCTTGACG	180
	CCTCCCAGCA	GCCCGGCCAC	CAGGATTTCT	ACAGGGTGTA	TGGGCAGCCG	TCCACCAAAC	240
	ACTACGTGAC	GAGCTAACGC	CACGCAGGCG	GCGGGGCGCT	GGGGAATCTT	CCTCCCCAGC	300 <sup>-</sup>
	CCCCGGGCTC	GGGAGTTATG	CATCCAGAGA	CCTGCCCTTC	TACCTTCCTC	GCCTCCCCTC	360
	TTCCTCATTC	CATTGCCCCA	GGTCTTTTCC	TTTTGGATTT	TGTTTTGGTT	TTGGCTTTGT	420
35	TTTTGATTTT	TTTTTTATTAT	GAATCTCCTG	GACGCAGAGG	TGACAGTGGG	AGCTGGCCTG	480
	GGCCAGGACG	GCAGGTGGCC	CTGGAGATGG	GAAAGTGTCT	GTGTCGAGGC	GCTGAGCTCT	540
	CTCTCTGTTT	CTCCTTTTTT	CCTCTACTCC	TTCCCCTTCA	CACCCCGTG	GCTGGAAGGA	600
	ACCTCGGCTT	CCCTGAAAGC	TTGGGGGTCC	CACCCTTCTT	ACCCCACCCG	GGAGGAACGC	660
	CCAGGGCCCC	GGGCTTGTTT	CTCCTCTTGT	TTTCCTTTTG	GGCAGTTTGA	TCACTGATCG	720
40	AGTAAGGAAT	GACCTTTAGA	TTGTGCGACT	TTTGTTTTTG	TTTTTTTAAA	TTTTTTTAAA	780
•	CCAAGAATGA	TTTCTCCTGC	TTCCTTCTCC	TCACCATCTT	CCCAGACGGA	GTTCAAAGGC	840
	CACTTCTCAA	GCAGCTTTTĠ	GCACCTTCAG	CCTCAGAGTG	GAATCTTTTA	AAGACAGGAC	900
٠.	CCCTATGTCC	AGGAAAGGGG	AAAAGGAACT	TTGCCAATGA	TAGTGACCAC	AGCAAAAGCA	960
	TAAAATAAT	AAAATAAAA	ACAATAGCAC	AGCCCTTGTT	GAGGTCAGCA	GGGAGGAGGG:	1020
45	GCTGCCCGGA	GTTGGGTCCT	TGCCTGGATT	TTGACACAGC	AACTTCCTGT	AGTGAGCACT:	1080
	TTGTATGAAT	CGTGGACTTC	CTGTTCTCAA	GGCGCAGGTA	TTTATTCTGT	ATCTGTCTAG:	1140
	AGCACACACC	AAAATCCAAC	CTTCTAATÀA	ACATGATGGC	GCAGTCCCAA	AAAAAAGAAA:	1200
	CAGAAGAAGA	AAAGGG	• .			•	1216

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE:2369 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 223:

					GGCCCCAGGG		60
					CTGCGGGGCA		
	GAAGTCAGCA	GCTTCCCAGA	AGCCCCGAAG	CCGGGGCATC	CTCCACTCAC	TCTTCTGCTG	180
25					GGGGCGCCCC		
					CTCCCTGAGG		
					ACCCTGGTGC		
					ATTGATGGGG		
					CAGCGAATGG		480
30 -					GACCCAGTAG		
					TCCTGCGTCT		
					CGGCGGGTGC		
	CAATTCACCT	GCCTCCTATG	TCTTCCATCC	AGACAATGCT	GTACCGGTGG		720
					TTCTTCGAGC		780
35					GGGAGCTAGT		
					TCCCAGGAAG		
					GCCATGGGGA		
•					TGCACTGAGG		
					CTCAGGGGAC		
40					ATGTTTCTCT		
•					GGGTTCCTGC		
•.					CCCCTCTTCC		
					CCCCTCCCCC		
					CTGCCTTGGA		
45					AGGCCCCACA		
					AGCAATGACC		
					CGTGGGGGCA		
					GATTTTTAGG		
	AGGGAAGGGT	CAGGGTAGAG	ACACCCCTCC	CTTGCCCCTT	TCCTGGGCCC	AGAAGTTGGG:	1680
50					TTTTCTGAAT		
•					CCTTTGCTCC		
					TGCTAGGCCC		
	TGTGTGTGGG	GGGTCTCTAC	GCCAGCTCAT	CAGTGCCTCC	TTGCCCATCC	TTCACCGGTG	1920
	CCTTTGGGGG	ATCTGTAGGA	GGTGGGACCT	TCTGTGGGGT	TTGGGGATCT	CCAGGAAGCC	1980

CGACCAAGCT	GTCCCCTTCC	CCTGTGCCAA	CCCATCTCCT	ACAGCCCCCT	GCCTGATCCC2040
CTGCTGGCTG	GGGGCAGCTC	CCAGGATATC	CTGCCTTCCA	ACTGTTTCTG	AAGCCCCTCC2100
TCCTAACATG	GCGATTCCGG	AGGTCAAGGC	CTTGGGCTCT	CCCCAGGGTC	TAACGGTTAA2160
GGGGACCCAC	ATACCAGTGC	CAAGGGGGAT	GTCAAGTGGT	GATGTCGTTG	TGCTCCCCTC2220
CCCCAGAGCG	GGTGGGCGGG	GGGTGAATAT	GGTTGGCCTG	CATCAGGTGG	CCTTCCCATT2280
TAAGTGCCTT	CTCTGTGACT	GAGAGCCCTA	GTGTGATGAG	AACTAAAGAG	AAAGCCAGAC2340
	AAAAAAAAA				2369

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

10

15

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:849 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 224:

	CGAAACGTGC	GCAGGCGCCG	GCCGCTGCGC	TGCAGATGGC	GGAAATGGAT	CCGGTAGCCG	60
35	AGTTCCCCCA	GCCTCCCGGT	GCTGCGCGCT	GGGCTGAGGC	CCTTCTGCGA	TGTTTTACCT	120
	GGCTGCGGCT	GTGTCAGATT	TCTATGTTCC	TGTCTCTGAA	ATGCCTGAAC	ACAAGATCCA	180
	GTCATCTGGG	GGCCCACTGC	AGATAACAAT	GAAGATGGTG	CCAAAACTGC	TTTCTCCTTT	240
	GGTTAAAGAT	TGGGCTCCCA	<b>AAGCATTTAT</b>	AATTTCCTTT	AAGTTGGAGA	CTGACCCCGC	300
	CATTGTAATT	AATCGAGCTC	GGAAGGCTTT	GGAAATTTAT	CAGCATCAAG	TGGTGGTGGC	360
40	TAATATCCTT	GAGTCACGAC	AGTCCTTTGT	GTTTATTGTA	ACCAAAGACŢ	CGGAAACCAA	420
	GTTATTGCTA	TCAGAGGAAG	AAATAGAAAA	AGGCGTAGAG	ATAGAAGAGA	AGATAGTGGA	480
	TAATCTTCAG	TCTCGACACA	CAGCTTTTAT	AGGTGACAGA	AACTGAAGTA	AAAAGCCCTT	540
	ATAGGATCAA	<b>AAATTGTTCA</b>	GGGCTCTTAG	AGATGGTGAA	AACTACAAAA	AAAACCATGG	600
,	CTTTCATATG	GACAGATAAA	<b>ATGAAAGAGA</b>	GGGAAAAGGC	AGTGGTGTGT	AGGCAAATAT	660
.45	GGTTTGGCAT	TTGTCTTTTA	ATGACACCTG	ATATGATGTC.	ATTTTGATTT	TGAAATTGAA	720
	CACTAGAACT	GTTAATCACC	TTTAAAAAAGG	AAGAGCTTAT	TGGGGATTAT	ATATTCCTTA	780
•	AAAATATACA	TGGGGGCCTG	AATGTCAGCC	ATCTGTATAC	TGTGGGGAAA	AGGGGTTTGG	840
	GTGCAÁTTC			•			849

- 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:1502 Basenpaare

WO 99/46375 197 PCT/DE99/00722

(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte-partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

20

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 225:

CCTTACCGGC AGGGCTGCC AGGAGCTGCA GGACAAGCAC CAGGAGCCCC TCCGGGTAGC TACTACCCTG GACTCCCCTC TGGAACTCCA GGAGGACCAT ATGGCGGTGC AGCTCCCGGG 120 GGCCCCTATG GTCAGCCACC TCCAAGTTCC TACGGTGCCC AGCAGCCTGG GCTTTATGGA 180 25 CAGGGTGGCG CCCCTCCCAA TGTGGATCCT GAGGCCTACT CCTGGTTCCA GTCGGTGGAC 240 TCAGATCACA GTGGCTATAT CTCCATGAAG GAGCTAAAGC AGGCCCTGGT CAACTGCAAT 300 TGGTCTTCAT TCAATGATGA GACCTGCCTC ATGATGATAA ACATGTTTGA CAAGACCAAG 360 TCAGGCCGCA TCGATGTCTA CGGCTTCTCA GCCCTGTGGA AATTCATCCA GCAGTGGAAG 420 AACCTCTTCC AGCAGTATGA CCGGGACCGC TCGGGCTCCA TTAGCTACAC AGAGCTGCAG 480 30 CAAGCTCTGT CCCAAATGGG CTACAACCTG AGCCCCCAGT TCACCCAGCT TCTGGTCTCC 540 CGCTACTGCC CACGCTCTGC CAATCCTGCC ATGCAGCTTG ACCGCTTCAT CCAGGTGTGC 600 ACCCAGCTGC AGGTGCTGAC AGAGGCCTTC CGGGAGAAGG ACACAGCTGT ACAAGGCAAC 660 ATCCGGCTCA GCTTCGAGGA CTTCGTCACC ATGACAGCTT CTCGGATGCT ATGACCCAAC 720 CATCTGTGGA GAGTGGAGTG CACCAGGGAC CTTTCCTGGC TTCTTAGAGT GAGAGAAGTA 780 TGTGGACATC TCTTCTTTC CTGTCCCTCT AGAAGAACAT TCTCCCTTGC TTGATGCAAC 840 35 ACTGTTCCAA AAGAGGTGG AGAGTCCTGC ATCATAGCCA CCAAATAGTG AGGACCGGGG 900 CTGAGGCCAC ACAGATAGGG GCCTGATGGA GGAGAGGATA GAAGTTGAAT GTCCTGATGG 960 CCATGAGCAG TTGAGTGGCA CAGCCTGGCA CCAGGAGCAG GTCCTTGTAA TGGAGTTAGT1020 GTCCAGTCAG CTGAGCTCCA CCCTGATGCC AGTGGTGAGT GTTCATCGGC CTGTTACCGT1080 TAGTACCTGT GTTCCCTCAC CAGGCCATCC TGTCAAACGA GCCCATTTTC TCCAAAGTGG1140 40 AATCTGACCA AGCATGAGAG AGATCTGTCT ATGGGACCAG TGGCTTGGAT TCTGCCACAC1200 CCATAAATCC TTGTGTGTTA ACTTCTAGCT GCCTGGGGCT GGCCCTGCTC AGACAAATCT1260 GCTCCCTGGG CATCTTTGGC CAGGCTTCTG CCCTCTGCAG CTGGGACCCC TCACTTGCCT1320 GCCATGCTCT GCTCGGCTTC AGTCTCCAGG AGACAGTGGT CACCTCTCCC TGCCAATACT1380 TTTTTTAATT TGCATTTTT TTCATTTGGG GCCAAAAGTC CAGTGAAATT GTAAGCTTCA1440 45 1502

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1892 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
  - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 226:

20 CATAATTCGC TTTAGAGTCA TTTTTCCAGC AATGTTTAAA TTACTTTCTC ATTCTTTTAG TGTATTCAAC ATTGTCTGCC TCTTCCTGCA GTTGATGTAA TTGCTTTGTT TGCAATAGCA 120 CAAGCTGCAT TATTCCAGTC AGGACTGTGA TAACTTGCTG CCAGCCCCAC TCAACTTTCA 180 GTTGGCTCTG TGTCAGTTTT CCACTCAGTG TTAACTACTT GTTACTGCCA TGCTGCTTGC 240 25 CCTCCCTTGA AGTGTCTATA AGCTCATCAC AGCCTAGAGT TAAGTAAAGT CAATTCACAG 300 AAGCACAATT TTGCCCTTTG CGAGACATTG TTGCCTCTAT CTAGTCCTAC AAGTAGGGTT 360 TTGCATACTG TGTTTGCCCC TAGGGTTGTC AGTGCATCAG AAATACTTCT AAATAGTGGT 420 AAAAATGCAC ATGGTTAATG CACATGTTAC TTTTAAATCA TTAGGATATC CCTCACCTGT 480 TCCTGATGAA TAAAAAGTGT GTTAAAGACC AAAATTCTTG GCATAATAAT CAGCTACATA 540 CAAATCACAT ATAGTTTAAT CTTTTTTAAT GGAAAAAAA TCATGTTTAA AATGGCAAAA 600 GCCCATCTTA TACACTTTTA TATAGCTGCA AAAAATTTAT ATCTGTACAG ATCTAACACT 660 ACGACACTCA GTATTCATTT TATTGAAGCA TGCAAGTAAA GCACTTTTTC TAATTTATAT 720 AGAGGTATCT AATTAACACA GCACATTGTA CTAATGACTA GGAGTAGCAG CTTTTTCTTC 780 TCTCCCTCTA TGAATTCTTA TAATGTCCCT TTTTCTGTAA GTTTTTGAGA GGCAATTGGC 840 AATTTAGGAG GCAGCAGGGT CTGTTTTGGT CAAATCTTGA ATTTCGTTGT TGCACTCTAG 900 35 TGACTGATCT TTGGGAATGT CTTGTCTTTG CATGGGGCTC ATAGAGATGT GTGCAGACTT 960 GCTTATTGTG GTTAGTGTT ATCAGGAACA CACACAGG TGTTCTGACC AGCTCAGGCT1020 TGCCACAGTG AGCAACTCTG TGGCTAGCAA AAGAGAAGTT TATTTGTGCC CAGCCATTGG1080 TCACCTTGGG TGATGCACCA GATAGCAGGC AGATGTTGGT TCATTGGCCT TCGTCCTCTT1140 TCCTCCTAAA ATAATATTGG CTTTACCATC TTAACTCAGC TGTGGGTTTT TTGTGGGTTC1200 40 TTGTTTGTTT TTTGGCATGA ATTGTCATCT TTGGTGTTTT TTTAACCCCC AGCCCCTCAA1260 AAAAATAAGG CCTCCAGGTA TCAAGATCTC ATATTAGGAT TTTCTGTCCT TAATTTTTTG1320 AGCAAAATCT GGAAAATGTG AAAGCATATT TAGATTTTAT ATACTATCTG AAATGTGATT1380 TGTTAAGATT CTTAAATTTG GGCCTCTTAG AATAATTTTG AATGAGATCT ACCGACTCAC1440 TTGTGAGAAT ATTTTTCACA GATTATCTTT GGGCCTTTTC ATTAGAAAGC TGTTTGTTTG1500 TCCCCCTGTT GGTACATTTG GTTACCTCAT TTTGCCGTTT CAGATTGTGA AAGCTCACAG1560 GGGTGTTTTT TGGAATCATT TGCTGAGTCA TTTTCTCAAA TCATATTCCA TTGTATCAGT1620 TAACATATAG TTTTAAATGT ATGTATTATA AATATCTGTA ACCAAATCAT TTGAAGGCTT1680 GATAAATTTT TAACAAAGTT TGTACATTTT TTATGAAAGT TACTAGTAAT GCTTTACTAA1740 GTAGTGCAAT GAATTTTTAT TTTTAATCCC TGTGCCCAAT TTTGGAGTTG AGAGGGTTGT1800 ΑΑ ΑΑΑΑΑΑΑΑ ΑΑΑΑΑΑΑΑΑ ΑΑΑΑΑΑΑΑΑ

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:1522 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 15 (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 227:

25	CAGGAGTGCG	GACCAGCGGG	TGCCTGTAGT	GGGTGGAATT	GGGGTCTGCA	CTTGCCCCTC	60
	CGCCCCAGG	TGGGAGTCAC	CTGGAGCGTG	AAGGGACGTG	TCTCATCCCC	AGTGTGTCGG	120
•	ACCCTGGAGA	CACAGCCGCA	GAGCAGCCCC	TTCTCATGCA	TGGACCTCAC	CTACGTCAGC	180
	CTGCTACTCC	AGGAGTTCGG	CTTTCCCAGG	AGCAAAGTGC	TGAAGCTCAC	TCGGAAAATT	240
	GACAATGTTG	AGACCAGCTG	GGCTCTGGGG	GCCATTTTTC	ATTACATCGA	CTCCCTGAAC	300
30	AGACAGAAGA	GTCCAGCCTC	ATAGTGGCCG	AGCCATCCCT	GTCCCCGTCA	GCAGTGTCTG	360
	TGTGTCTGCA	TAAACCCTCC	TGTCCTGGAC	GTGACTTCAT	CCTGAGGAGC	CACAGCACAG	420
	GCCGTGCTGG	CACTTTCTGC	ACACTGGCTC	TGGGACTTGC	AGAAGGCCTG	GTGCTGCCCT	480
	GGCATCAGCC	TCTTCCAGTC	ACATCTGGCC	AGAGGGCTGT	CTGGACCTGG	GCCCTGCTCA	540
	ATGCCACCTG	TCTGCCTGGG	CTCCAAGTGG	GCAGGACCAG	GACAGAACCA	CAGGCACACA	600
35	CTGAGGGGGC	AGTGTGGCTC	CCTGCCTGTC	CCATCCCCAT	GCCCCGTCCG	CGGGGCTGTG	660
	GCTGCTGCTG	TGCATGTCCC	TGCGATGGGA	GTCTTGTCTC	CCAGCCTGTC	AGTTTCCTCC	720
	CCAGGGCAGA	GCTCCCCTTC	CTGCNAGAGT	CTGGGAGGCG	GTGCAGGCTG	TCCTGGCTGC	780
	TCTGGGGAAG	CCGAGGGACA	GCCATAACAC	CCCCGGGACA	GTAGGTCTGG	GCGGCACCAC	840
	TGGGAACTCT	GGACTTGAGT	GTGTTTGCCT	CTTCCTTGGG	TATGAATGTG	TGAGTTCACC	900
40 -	CAGAGGCCTG	CTCTCCTCAC	ACATTGTGTG	GTTTGGGGTT	AATGATGGAG	GGAGACACCT	960
	CCTCATAGAC	GGCAGGTGCC	CACCTTTCAG	GGAGTCTCCC	AGCATGGGCG	GATGCCGGGC1	1020
	ATGAGCTGCT	GTAAACTATT	TGTGGCTGTG	CTGCTTGAGT	GACGTCTCTG	TCGTGTGGGT	L080
	GCCAAGTGCT	TGTGTAGAAA	CTGTGTTCTG	AGCCCCCTTT	TCTGGACACC	AACTGTGTCC:	140
	TGTGAATGTA	TCGCTACTGT	GAGCTGTTCC	CGCCTAGCCA	GGGCCATGTC	TTAGGTGCAG	L200
45	CTGTGCCACG	GGTCAGCTGA	GCCACAGTCC	CAGAACCAAG	CTCTCGGTGT	CTCGGGCCAC	1260 ·
	CATCCGCCCA	CCTCGGGCTG	ACCCCACCTC	CTCCATGGAC	AGTGTGAGCC	CCGGGCCGTG:	1320
	CATCCTGCTC	AGTGTGGCGT	CAGTGTCGGG	GCTGAGCCCC	TTGAGCTGCT	TCAGTGAATG	1380
	TACAGTGCCC	GGCACGAGCT	GAACCTCATG	TGTTCCACTC	CCAATAAAAG	GTTGACAGGG:	L440
	AAAAAAAAA	AAAAAAAACT	CGAGCGGAAC	GAGCTCACTT	TCTTCTAGCT	GAGCTTTAAA	1500
50	ACATTAGAGC	TTAAATTTTC	AG	,			1522

# (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

WO 99/46375 200 PCT/DE99/00722

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:2016 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

15

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 228:

	GAGAAAATGG	AGGCCTTTGG	GGAAGGGGCA	GGGTGGGAGG	ATTTCTTCTC	CACACAGACC	60
25				and the second s	ACTTCTCCAA		120
	GAGGACTTTA	CCACCTACAT	TAACAGGAAG	CGGAAAAACA	ATTGCCATGG	CAACCACATT	180
	GAGATGCAGG	CCATGGCAGA	GATGTACAAC	CGTCCTGTGG	AGGTGTACCA	GTACAGCACA	240
					ACGAACCCAT		300
	TACCATCGGA	ATATCCACTA	TAATTCAGTG	GTGAATCCTA	ACAAGGCCAC	CATTGGTGTG	360
30	GGGCTGGGCC	TGCCATCATT	CAAACCAGGG	TTTGCAGAGC	AGTCTCTGAT	GAAGAATGCC	420
	ATAAAAACAT	CGGAGGAGTC	ATGGATTGAA	CAGCAGATGC	TAGAAGACAA	GAAACGGGCC	480
	ACAGACTGGG	AGGCCACAAA	TGAAGCCATC	GAGGAGCAGG	TGGCTCGGGA	ATCCTACCTG	540
	CAGTGGTTGC	GGGATCAGGA	GAAACAGGCT	CGCCAGGTCC	GAGGCCCCAG	CCAGCCCCGG	600
	AAAGCCAGCG	CCACATGCAG	TTCGGCCACA	GCAGCAGCCT	CCAGTGGCCT	GGAGGAGTGG	660
35	ACTAGCCGGT	CCCCGCGGCA	GGGAGTTCAG	CCTCGTCACC	TGAGCACCCT	GAGCTGCATG	720
	CTGAATTGGG	CATGAAGCCC	CCTTCCCCAG	GCACTGTTTT	AGCTCTTGCC	AAACCTCCTT	780
	CGCCCTGTGC	GCCAGGTACA	AGCAGTCAGT	TCTCGGCAGG	GGCCGACCGG	GCAACTTCCC	840
	CCCTTGTGTC	CCTCTACCCT	GCTTTGGAGT	GCCGGGCCCT	CATTCAGCAG	ATGTCCCCCT	900
	CTGCCTTTGG	TCTGAATGAC	TGGGATGATG	ATGAGATCCT	AGCTTCGGTG	CTGGCAGTGT	960
40	CCCAACAGGA	ATACCTAGAC	AGTATGAAGA	AAAACAAAGT	GCACAGAGAC	CCGCCCCCAG	L020
	ACAAGAGTTG	ATGGAGACCC	AGGGATTGGA	CACCATCTCC	CAACCCCAGT	ACTCCTGCTC1	1080
•	TCCGGTGCCA	CCTCACCTTC	TTTGGCTTCT	TCCCTCTTGC	CTCCTTCTGT	TCTTTCTGCT	L140
	CTCCCCTCTT				CCACCCCTGC		
	ATTGCCGCTG	CCACTATCAC	CTGTCTCTCT	GCCAGCTGAT	GTGCCCTGTT	GCCCCCCACCI	L260
45	CCATCCCGCA	CAGAACCATC	CCTGCATTCC	ACAGGGGACT	CGGGCAAGGG	TGCCGAAGAT	L320
	AGACAAGAGG	CACACAGAGA	CAGACCAACT	GGCAGCCAGG	CAGCCCCAGA	GGAGAGAGAC	1380
	ATTCAGACAG	AGGAAAGTCT	CCCTGCCCCT	CATTCCTTCC	AAGATGAGAA	AAACTTGCCG	L440
	CCACCCCCG	ACACTGATGC.	CAGGGAGGTG	GGAGGAAGAA	GTGGGAAATT	TCCCTTCCCA	1500
	GTACCCCCAA	GAACGTCTGA	GCCTTCAATG	TTGAATTTTT	TCTTTATTAA		
50		ATCAACTAAT				TGTGAAGGTG:	
					GTGCAAAGAT		
					TAGGGTGTGC		
		CAGGTGTCAG				CTGCATTCCT	
	TTTGCTTCCA	CCACCACTAG	CTTCTTTGGA	ATCTTGGGGT	GGGGGTCATC	TTTGGGGATT	1860

ATGGCTGCCA CCCGGGATTT GAGTGTAGGG AGTGTGGGAG CAGCCTTGGC AGAAGGGGCA1920 CCCGTGCCCT GCAGGTGTTG ACAAGATCCG CCATCTGTAA TGTCCTTGGC ACAATAAAAC1980 CAAATGTCAG TTTCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAGAC 2016

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:765 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
    - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:

15

25

45

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 229:

30	CCGGATTCCG	CCCCGCCCGC	TGCGATCCGG	TTCCGCTCCC	CACAACCCGC	TCTGTGGCGG	60
	GGCTTCCGGT	CGGGAGGGTC	CGCCAGCTCT	CGCGTCCTTT	GCTGGGTCCA	GACACCGGTT	120
	CCGTTGCAAA	CATTTTTAAA	GGGCTGGTTA	TTCTTCCTGA	AATGAGTTTG	GTGATTAGAA	180
	ATCTGCAGCG	AGTCATCCCC	ATCAGGAGAG	CGCCACTTCG	CAGTAAGATC	GAGATTGTAA	240
	GGAGGATTTT	AGGAGTGCAG	AAATTTGACC	TGGGGATCAT	CTGTGTTGAC	AACAAGAATA	300
35	TTCAGCACAT	TAATAGAATC	TACAGAGATA	GAAATGTCCC	AACCGATGTG	CTTTCTTTTC	360
	CATTTCATGA	GCATCTGAAA	GCAGGTGAAT	TTCCCCAGCC	TGATTTTCCA	GATGACTACA	420
	ATTTGGGAGA	CATTTTCCTA	GGAGTGGAGT	ATATCTTCCA	TCAGTGTAAA	GAAAATGAAG	480
	ATTACAATGA	CGTCCTGACT	GTGACGGCCA	CCCACGGACT	CTGTCACTTG	CTGGGATTCA	540
	CACACGGCAC	GGAGGCAGAG	TGGCAGCAGA	TGTTCCAGAA	GGAGAAGGCG	GTGCTGGACG	600
40	AGCTGGGCCG	ACGCACGGGG	ACCCGGCTGC	AAGCCCTGAC	CCGGGGCCTC	TTCGGAGGGA	660
	GCTGAGGGCC	GCGTTCCTTC	TGAAAGCGGG	ACGCGGGAGG	GGTGGAGGCT	GCGGGGAGCC	720
	GGGGTCGCAC	Τασασπαδοπ	AACGAATGAA	ССТАВАВАВА	ΔΑΔΑΔ		765

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1611 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 10 (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 230:
- CTGCTTGGCG CGACGCTCTA GCGGTTACCG CTGCGGGCTG GCTGGACCGT AGTGGGGCTG CGCGGCTGCC ACGGAGCTAG AGGGGTTAAA AACTAATATT TATATGACAG AAGAAAAAGA 120 TGTCATTCCG TAAAGTAAAC ATCATCATCT TGGTCCTGGC TGTTGCTCTC TTCTTACTGG 180 20 TTTTGCACCA TAACTTCCTC AGCTTGAGCA GTTTGTTAAG GAATGAGGTT ACAGATTCAG 240 GAATTGTAGG GCCTCAACCT ATAGACTTTG TCCCAAATGC TCTCCGACAT GCAGTAGATG 300 GGAGACAAGA GGAGATTCCT GTGGTCATCG CTGCATCTGA AGACAGGCTT GGGGGGGCCA 360 TTGCAGCTAT AAACAGCATT CAGCACAACA CTCGCTCCAA TGTGATTTTC TACATTGTTA 420 CTCTCAACAA TACAGCAGAC CATCTCCGGT CCTGGCTCAA CAGTGATTCC CTGAAAAGCA 480 25 TCAGATACAA AATTGTCAAT TTTGACCCTA AACTTTTGGA AGGAAAAGTA AAGGAGGATC 540 CTGACCAGGG GGAATCCATG AAACCTTTAA CCTTTGCAAG GTTCTACTTG CCAATTCTGG 600 TTCCCAGCGC AAAGAAGGCC ATATACATGG ATGATGATGT AATTGTGCAA GGTGATATTC 660 TTGCCCTTTA CAATACAGCA CTGAAGCCAG GACATGCAGC TGCATTTTCA GAAGATTGTG 720 ATTCAGCCTC TACTAAAGTT GTCATCCGTG GAGCAGGAAA CCAGTACAAT TACATTGGCT 780 ATCTTGACTA TAAAAAGGAA AGAATTCGTA AGCTTTCCAT GAAAGCCAGC ACTTGCTCAT 840 TTAATCCTGG AGTTTTTGTT GCAAACCTGA CGGAATGGAA ACGACAGAAT ATAACTAACC 900 AACTGGAAAA ATGGATGAAA CTCAATGTAG AAGAGGGACT GTATAGCAGA ACCCTGGCTG 960 GTAGCATCAC AACACCTCCT CTGCTTATCG TATTTTATCA ACAGCACTCT ACCATCGATC1020 CTATGTGGAA TGTCCGCCAC CTTGGTTCCA GTGCTGGAAA ACGATATTCA CCTCAGTTTG1080 35 TAAAGGCTGC CAAGTTACTC CATTGGAATG GACATTTGAA GCCATGGGGA AGGACTGCTT1140 CATATACTGA TGTTTGGGAA AAATGGTATA TTCCAGACCC AACAGGCAAA TTCAACCTAA1200 TCCGAAGATA TACCGAGATC TCAAACATAA AGTGAAACAG AATTTGAACT GTAAGCAAGC1260 ATTTCTCAGG AAGTCCTGGA AGATAGCATG CGTGGGAAGT AACAGTTGCT AGGCTTCAAT1320 GCCTATCGGT AGCAAGCCAT GGAAAAAGAT GTGTCAGCTA GGTAAAGATG ACAAACTGCC1380 40 CTGTCTGGCA GTCAGCTTCC CAGACAGACT ATAGACTATA AATATGTCTC CATCTGCCTT1440 ACCAAGTGTT TTCTTACTAC AATGCTGAAT GACTGGAAAG AAGAACTGAT ATGGCTAGTT1500 CAGCTAGCTG GTACAGATAA TTCAAAACTG CTGTTGGTTT TAATTTTGTA ACCTGTGGCC1560
- 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:
  - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    - (A) LÄNGE:1473 Basenpaare
    - (B) TYP: Nukleinsäure
      - (C) STRANG: einzel
      - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN-
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: 10
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 231:
- GGTGTGGTCC TCAGGGGGCT GTAGGGTGGG AGGTATGGCT TCAGGTGCCA AGTTGGCGGG AACGGCAGCG AGGAGGCCTG GGGGGCACTT CGGGCGCCGC AACAGCAGGT ATCCCAATAG 120 20 CTCCAAAACC TATCACGACA GCCATTTGTC TCTTTCCCCT TTCCTTGTCC CTTCCTTTTG 180 GGGGTGGGGG AGGAACTCAC GGAGCCAAAG GTACTGTGAA GTTCCTAAAC ATGTCTCTTC 240 CACTCTTTGT CTAAACTTTG TAACGTAGAT GCAGCTGACT TTGCCTGTAG CCTCATAGAA 300 CCCATCCCAT GGCTGCAGTG GAAGCTTGCG GTGGCTCTCC AGTGACCAGA GGCATAGTGA 360 GGTCCCAGGG AGGCTCCCTC TGTCTTGCAA CAGTTATTTG TGATCTTTTT CTATGTGCCT 420 ATTGTCACAA CAGAGTCCGG CAGCGTCTTC TCTTGAGGGA GCAATTTGGA GAAGAGCTGG 480 AACCCAGACT CGCGCCCTGG ATGCCATCCT TTATCATCCA CAGCAATCCC ATCTGGTTGG 540 GAGCACTGCT CTGGGTCTCA CACTGCCCCT CCTCTATCCT AGGGAGCCTG AGGCCCAGGG 600 GTGGAAAGAT CCAGTTGCGG GTGGGGGGTA GTGAACCGTG CAGGATAATG AAAGCAACTT 660 GCTTTGGAAA TGACCTACCG CTACCCGTTG TCTGAGACTG AGATTATCTC AGACTGTCTT 720 CTGGCTTCTG CCAAAACACT CCCTTAACAG AAAGCACCGA GGGGATGGGG GTAGGGGGGT 780 30 TGGGGAGAGT GAGGCTTGAG TGTGAAGGAA GTCTCATATA TGCAGAGCTG AAATCTCCCT 840 CTTTGTATGT CCACACTTTT GTCTTGTTCT CTAGACTGAT TCTTGCTATT CCAAATCCTC 900 TTCCACGTTG ACAGCCCTTC AGATATTTCA ACACTCCTCT CAGCATCCTC CACTTCCCCC 960 ATCTCTCCAA GCTGAACTTG GTTCACAGGG TGGGATTGTG TATGTGCATG CAGGAGGTGG1020 35 GGGTGGACAG TGCCCTGGGC TGGAATCCCC CTTAGTTCTA AGTGCCTCCT TGCCCGCAGC1080 TTCGAGAGCT GTGCCCAGGA GTGAACAACC AGCCCTACCT CTGTGAGAGT GGTCACTGCT1140 GCGGGGAGAC TGGCTGCTGC ACCTACTACT ATGAGCTCTG GTGGTTCTGG CTGCTCTGGA1200 CTGTCCTCAT CCTCTTTAGC TGCTGTTGCG CCTTCCGCCA CCGACGAGCT AAACTCAGGC1260 TGCAACAACA GCAGCGGCAG GTGGAAATCA ACTTGTTGGC CTATCATGGG GCATGCCATG1320 40 GGGCTGGTCC TTTCCCTACC GGTTCACTGC TTGACCTTCG CTTCCTCAGC ACCTTCAAGC1380 CCCCAGCCTA CGAGGATGTG GTTCACCGCC CAGGCACAAC GAGCCCCCCC TTATACTGTG1440 GCCCCAAGGC GCCCCTTGAG GTTGTTTCAA GTG
  - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

45

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:2503 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

PCT/DE99/00722

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 232:

15 GAAACATGCA ACTGAACAGG AAAAAACTGA AGAGGGATTA GGCCCTAATG TAAAAGGCAT TGTCACCATG TTGATGCTGA TGCTATTGAT GATGTTTGCG GTCCACTGTA CCTGGGTCAC 120 AAGCAATGCC TACTCTAGTC CAAGTGTAGT CCTGGCCTCA TACAATCATG ATGGCACCAG 180 GAATATCTTA GATGATTTTA GAGAAGCTTA CTTTTGGCTA AGGCAAAATA CAGATGAACA 240 20 TGCACGAGTA ATGTCTTGGT GGGATTATGG CTATCAGATA GCTGGAATGG CTAATAGAAC 300 TACGTTGGTG GATAATAACA CCTGGAATAA CAGCCACATA GCACTGGTGG GAAAAGCTAT 360 GTCTTCTAAT GAAACAGCAG CCTATAAAAT CATGAGGACT CTAGATGTAG ATTATGTTTT 420 GGTTATTTT GGAGGGGTTA TTGGCTATTC TGGTGATGAT ATCAACAAAT TTCTCTGGAT 480 GGTTAGGATA GCTGAAGGAG AACATCCCAA AGACATTCGG GAAAGTGACT ATTTTACCCC 540 ACAGGGAGAA TTCCGTGTAG ACAAAGCAGG ATCCCCTACT TTGTTGAATT GCCTTATGTA 600 25 TAAAATGTCA TACTACAGAT TTGGAGAAAT GCAGCTGGAT TTTCGTACAC CCCCAGGTTT 660 TGACCGAACA CGTAATGCTG AGATTGGAAA TAAGGACATT AAATTCAAAC ATTTGGAAGA 720 AGCCTTTACA TCAGAACACT GGCTTGTTAG GATATATAAA GTAAAAGCAC CTGATAACAG 780 GGAGACATTA GATCACAAAC CTCGAGTCAC CAACATTTTC CCAAAACAGA AGTATTTGTC 840 30 AAAGAAGACT ACCAAAAGGA AGCGTGGCTA CATTAAAAAT AAGCTGGTTT TTAAGAAAGG 900 CAAGAAATA TCTAAGAAGA CTGTTTAAAT GCACTGTTCT GGTTCCTAAC TTGAAGCAGT 960 TGTCCTTGTG AGAACCGGTC TTTGCCTTTA GCTCATGTCG TGTTTCACAG CAAAGAGGGT1020 ACAGAACCAT CACTGGTCCA GGTTAATGTA CAAAATTTTC TGGCAATGCC TGATTAAAAA1080 AATAAAATTG GCTTGTTGAG AACAGCTGTT TTCGATTTCT AATGTGAAGC AAGACAGAGC1140 35 ACTGCTGTAA ATGTCTAGCA GCAGATTTTT TTTTTATTGG TACATATTAT CCTTCAAATC1200 TGAGAATTTG GACTAACTGC ACCAAAGAAC CCTCTAATTT GGTCCCTGGC ACATGCATAC1260 TTGTCAATGT TTTTATTCTT TTACAAGACC TGCATTTTAT TTGAATTACC CGAATAGCAA1320 TATGTAAAAT ACAAGTGACA AAATGTGATG AGAGCTTCTT GAACCGGTAA ACTAGTACAG1380 GTCTGAGAAA GACATATTAG AAGAATCATT ATACTTCCTT GAATTATATT TATTTTCATG1440 TTTCTCTAAT GCAAAGAATG TTTCATCAAA TGTATATTTT CTGTTGCTTA CTGTTTGCTC1500 40 TGAGAAGAAG CTGCTGTTTC AAAGATGGAC CTCTGAGTAG CTAATTGATT CAAGTAGTTT1560 TTTTATGTTG ACACATTATT ACTGCTGTTA GCAGTCGTTT TCACCAGGTA CTTACAGAGC1620 AGATTTCATA CATCATTCAT TCAAGGGCTA AATTTATATT TTTTGGAAAT CATGGCAACT1680 ACACAGGATG TTGCTTACCA GGACGGAGTT TTGGTATCTT AGTACTGAAG TTAGCACTAT1740 45 GTTTACATGC AAAAGATTAA GGAAAAAACC CTTAAAGTGG ACAGGTATCC AAAGTTCATT1800 TTCTGTGACT CATCAAAGTG ACAAAAGACT TGTAACAACT TTGCCTGGAC TTTTTTCATT1860 TTACAACAGT TCATCCATTC ACAATGATTT TGTTCTCTGC TCCATATTTT TTAATCCCTT1920 AAGCATTTGA TGAAACACTC TTTAGTGCTA TATGCATTTT CTTACTTTTG TTAAAAATGT1980 GACAATTGTC AAAAAATGCA CTAAAATGTA AATGGAGATT GAACAAGTTC ACTTTCCAGC2040 TTATAGGCAA CTTTATACAG ACTTGAACAT TTTCTCCAGT TGTTTAGTAA AAGTGAAAGA2100 50 GAAAGGGTTT TTCCTGCCAC AGGATATAAC TTTTTTTTAT ATAACAAGCA TAACACCA2160 CTGCTTTTGG TGGAAAAGTG CAGAATAGTA TGTACCTTTT ATGAAGAAAA ATGTAATTTA2220 CAATATTCAG TGAGAATGTT ACTGCTGATT TTCTTTTCCA AGGTGTAGAA TATTCTTTGA2280 TTTATAGAAT TCATTTTTGA CCCAGATGAT GGTTCCTTTA CAGAACAATA AAATGGCTGA2340 ACATTTTCAC AAATAGAGTG TAACGAAGTC TGGATTTCTG ATACCTTGTC ATTTGGGGGA2400 55

205 PCT/DE99/00722

TTTTATTTTA CTTTGTTGCT TTAAAATTCA ATGCAGAGAA GTTGTTGACT GTAGGGGAAA2460 TAAAGTTAAT TCAAATTTTG AAAAAAAAAA AAAAAAGTCG ACG 2503

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:1756 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

WO 99/46375

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 233:

	AAGCAACCTC	GTTTATGTCT	TATCTTTGCA	TTTTCCTGTA	TTCAGCTATT	TTCTTAAAGG	60
30	AAGGCCCAGG	TCTGTATTAT	CCTACTGCCA	CATAGGAAGT	AAAATGAGTA	CTCACAGCCT	120
	TGCGCCTAAT	CACTGAACAC	AGCTTTTAGT	AATGTTTTAC	ACAAGAACAG	GATATTGGCA	180
	ACTCAACTGT	TAAGCCTTTC	TGTGATTATT	CTTCCTTGAG	ATCACTCTGA	TGTCACCAGT	240
	GTAATTTGAG	CCTGGAGCTT	TTGTTCACAC	TTTAAATAGC	AGTCCCAGAA	TGATTTCACT	300
•	ACAGACTCTC	TGGAAAGCCT	GGGAGCTGAA	TTCCGGAAGA	TCCCCACATC	GATGAAAGCA	360
35	AAGCGAAGCA	CCAAGCCATC	<b>ATCATGTCCA</b>	CGTCGCTACG	AGTCAGCCCA	TCCATCCATG	420
	GCTACCACTT	CGACACAGCC	TCTCGTAAGA	AAGCCGTGGG	CAACATCTTT	GAAAACACAG	480
	ACCAAGAATC	ACTAGAAAGG	CTCTTCAGAA	ACTCTGGAGA	CAAGAAAGCA	GAGGAGAGAG	540
,	CCAAGATCAT	TTTTGCCATA	GATCAAGATG	TGGAGGAGAA	AACGCGTGCC	CTGATGGCCT	600
	TGAAGAAGAG	GACAAAAGAC	AAGCTTTTCC	AGTTTCTGAA	ACTGCGGAAA	TATTCCATCA	660
40	AAGTTCACTG	AAGAGAAGAG	GATGGATAAG	GACGTTATCC	AAGAATGGAC	ATTCAAAGAC.	720
	CAAGTGAGTT	TGTGAGATTC	TAACAGATGC	AGCATTTTGC	TGCTACCTTA	CAAGCTTCTC	780
	TTCTGTCAGG	ACTCCAGAGG	CTGGAAAGGG	ACCGGGACTG	GAAAGGGACC	AGGACTGAAC	840
					CTGTTACAGA		
	ATGCTTTCAG	CAAGGATTTG	AAAACTCTTC	CGTCCCTGCA	GGAAAGGATT	GATGCTGATA	960
45					ATGGCTGGAG		
	TCCAGGGTCA	CTTTGTCAGG	CCCTAGGACT	TAAATCGAAG	TTGAACTTTT	TTTTTTTTT	1080
	AACCAAATAG	ATAGGGGAGG	GGAGGAGGGA	GAGGGAGGAC	AGGGAGAGAA	AATACCATGC:	1140
	ATAAATTGTT	TACTGAATTT	TTATATCTGA	GTGTTCAAAA	TATTTCCAAG	CCTGAGTATT	1200
			AGAAATCAAT			TTATTACAAT:	
50					AAGAAAGTAA		
					AGGTTTTTTA		1380
					ATCCAAAGTA		
	ATTTTACATA	TTTTTTAAAT	CTTCTGACTA	ATGCTAAAAC	GTAATCTAAT	TAAATTTCAT	1500

WO 99/46375 206 PCT/DE99/00722

ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560
CTATAGTTTC TATAATTTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAATAATA AATTATTGTA1620
AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680
TTGATATTTA CAAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA1740
AAAAAAACGG CTCGAG 1756

#### (2) INFORMATION ÜBER-SEQ ID NO: 234;

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1286 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

30

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

#### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 234:

GCCTAGGATC CCTGTGACCC TCAACATGAA GATGGTGATG CCCTCCTGTC AAGGCCTTGA TTGAGCATGA AATGAAGAAC GGGATCCCTG CCAATCGAAT CGTCCTGGGA GGCTTTTCAC 120 AGGGCGGGC CCTGTCCCTC TACACGGCCC TCACCTGCCC CCACCCTCTG GCTGGCATCG 180 TGGCGTTGAG CTGCTGGCTG CCTCTGCACC GGGCCTTCCC CCAGGCAGCT AATGGCAGTG 240 35 CCAAGGACCT GGCCATACTC CAGTGCCATG GGGAGCTGGA CCCCATGGTG CCCGTACGGT 300 TTGGGGCCCT GACGGCTGAG AAGCTCCGGT CTGTTGTCAC ACCTGCCAGG GTCCAGTTCA 360 AGACATACCC GGGTGTCATG CACAGCTCCT GTCCTCAGGA GATGGCAGCT GTGAAGGAAT 420 TTCTTGAGAA GCTGCTGCCT CCTGTCTAAC TAGTCGCTGG CCCCAGTGCA GTACCCCAGC 480 TCATGGGGGA CTCAGCAAGC AAGCGTGGCA CCATCTTGGA TCTGAGCCGG TCGAGCCCCT 540 40 GTCCCCACCC TTCCTGACCT GTCCTTTTCC CACAGGCCTC TGGGGGCAGG TGGCAAGGCC 600 TGGCCGGCC TTCCTTCCTG GCCTTAGCCA CCTGGCTCTG TCTGCAGCAG GGGCAGGCTG 660 CTTTCTTATC CATTTCCCTG GAGGCGGCC CCCCTGGCAG CAGTATTGGA GGGGCTACAG 720 GCAGCTGGAG AAAGGGGCCC AGCCGCTGAC CCACTCACTC AGGACCTCAC TCACTAGCCC 780 CGCTTTGGGC CCCCTCTGT GACCTCAGGG TTTGGCCCAT GGGGCCCTCC CAGGCCCCTG 840 CCCCAACTGA TTCTGCCCAG ATAATCGTGT CTCCTGCCTC CACTCAGCTG CTTCTCAGTC 900 ATGAATGTGG CCATGGCCCC GGGGTCCCCT TGCTGCTGTG GGCTCCCTGT CCCTGGGCAG 960 GAGTGCTGGT GAGGAGGTGG AGCCTTTTGA GGGGGGCCTT CCCTCAGCTG TTTCCCCACA1020 CTGGGGGGCT GGGCCCTGCC TCCCCGTTAC CCTCCTTCCC TGCAGGCCTG GAGCCTGTAG1080 GGCTGGACTG AGGTTCAGGT CTCCCCCCAG CTGTCTCACC CCCACTTTGT CCCCACTCTA1140 50 GAGCAGGGAG GCAGTGGGGG AGGAGTTGTG TCTCGTCTTC TGTCTCCATG TGGTTTTTGG1200 GTGTTTTTCT TGTTGTGTCC TGGATTCCGA TAAAATTAAA GAAATTGCTT CCTCAAAAAA1260 ААААААААА ААААААААСТ CGACGC 1286 207 PCT/DE99/00722

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:1230 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

WO 99/46375

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- 20

**5** .

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 235:

	ATTCGGCAAC	GAGGTGAGAA	AATCCCTTTT	AAGGCCAAGG	AAAGCTGAAT	GCTAGCAGCC 60
	AGGCCTGTGG	TACTTCCATG	AGAAACCATA	GCAGACAATG	CCCTCCCAAG	TACTGAAATC 120
	ACACTGGAAT	CCCCCTTGTT	GGGTTCATTT	GATTGTTTAA	CACAGGATGT	GTTGTGTCAT 180
30	TCTGAAGTTT	TTATTTGGGG	CAGAAGTCTT	TATGGAGATG	TAAATGACAG	CGTTTCTGGG 240
	TTATGCATAA	CTTCTCACTG	GTCAGAGACA	CCGGTGTGTC	AAGCATGGAT	ATTGCATTGC 300
	AAGACTTGAA	TCTATAAAAA	TTAGAATCAC	ACAGTCAGTA	CTACAAGCAA	AACAGAGAAC 360
	CTGAAAGAAG	GTGCACAGAC	TGTAAGAAAA	AACCCAAGTT	TGTGATATTT	CAGTGATTCC 420
	AAAGAACATT	CTAGGTTTTT	TGTTTGTTTT	TTTGTTTTTT	GGGTTTTTTT	TTTTACTGCA 480
35	GAAAATTGGT	GGTATTTTCA	CATTCATAGT	GTTTCTATCC	AATTTCAGTA	CCCACATTTA 540
	ATGAGGAAAA	AATGTTTTAC	CAATGAAGGA	GGAATTCTTA	AATTAGCTGT	AATGTTAGGT 600
	TGGAGAAAAT	TTGGTATTTA	GGGTATTTTC	AAGGTACCAT	CAAATCAGAT	TTCTGTTTTT 660
	TTGTTAAAAA	AAATTTTTTT	AATCAGTATT	GTTTTTACAA	GTAATATACT	TTGAAACTCT 720
	TGAACTAATA	GTCTCAAAAA	CTCTAGAGGA	CAGTCTGAGA	ACACGTATTT	CTATTGTTCT 780
40	AAATAAATAC	ATGTTTTTGA	ATAGTTCAAT	CATGAATTAT	TGACTATGTC	TTCATCAAAA 840
	GTGTTAATCC	CTCTCAGGGT	CTCTGGTGAA	GACCTTCAAG	AGTTTGGTTT	TTTCTCCCAG 900
	GAAATTGGAA	GGTAGAATTG	TAAATTCATA	GAACTTCTTT	TATAATGGTG	TACCTCAGCA 960
	GCTGCCTTTC	AATTTATGCC	AAGTCCTTAC	AGAGTTTATA	CTTGAATAGT	AAATATGTCT1020
	TCTGAGTTTT	ACAGTGTCTT	AAACTCAATG	CACATTTTTT	TTTCTTCTTT	TTCCACCCCT1080
45	TCTTGTTTGT	AGTTCATTAT	ACCTGTCCTA	TTACAGAACT	GATTTCCTTC	CTGGCTGTAC1140
	ATGTTGGGGT	GCTGGATTTT	TTTCCGTGTC	TTTAGTCTTC	GGATACATGT	
	AGCTTGTGGT	GAATACAGTA	ATTTGCATTG			1230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:2328 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 236:

TGAGAGTTTA GTTGTAGCAG AGGGGCCACA GACAGAAGCT GTGGTGGTTT TTACTTTGTG CAAAAAGGCA GTGAGTTTCG TGAAGCCTGG AAGTTGGCCA TGTGTCTTAA GAGTGGCTGG 120 ACTTTGACAT GTGGCTGTTT GAATAAGAGA AGGACAAAGG GAGGAGAAAG CACATGTGCT 180 CCAGTGAGTC TTCGTCACTC TGTCTGCCAA GCAATTGATA TATAACCGTG ATTGTGTCTC 240 TGCTTTTCTT CTGAAATGTA GATAACTGCT TTTTGACAAA GAGAGCCTTC CCTCTCCCCC 300 ACCCCTGTGT TCTTGGGTAG GAATGGGAAA AGGGGCAACC TACAAAGATT GTTGGGGCAA 360 GGGAAGTCAC AAGCTTTCGG ATGGGCGGTG GCTTTTCACA AAACATTTAG CTCATCTTAT 420 TCTCTCTTG TCCTCTCCC CCTCCTGCCC GCCCGCACCC TGGAATTGCC ACTCAGTTCC 480 TCTGGGTGTG CACATATGTT TGGAGAAATA GAGGAGAAA AAGAGGGCCA CGTAACTGAG 540 AGCTTACAGT GCCAATGCCG TTTGTGTTCT GGCCAGAGTG GAGTGCGCAG CCTGACTCCC 600 AGGCGCTGAG ATTGTTGCCT GGTTACCCAG GAAGCTGCTG TTCCGGCTGC CCAGCCTTTC 660 TCTGAGCCAG CGGATGCACA GTCCGTGGCC TTCTTCAGGC TTATTGATGA TGCTTTTTGC 720 AAATGTTGAA TCATGGTTCT GTTTCTAAGT TGGATCTTTT TTGTTTTCTC CTTGCCACCC 780 TAATTTGACA TCAAAATTCT CTCTTGTGCA TTGGGCCCTG GGTCATTCAA ACCCAGGTCA 840 CCTCATTCCC CTTCTCTGTT CACACCTAAT GTCTTGAAGA GTAGGTAGCA GCAGTGTGGG 900 CTGAACCTAG GCCAGCTTGC TTAGCGGGTC ACCCTGCTGT GAAGTCCTGG CAGGTGTTGG 960 TAATGTGTGG AAATGCAGTC AGCAAGTTTG CTGGGGAGTT TGATAAAAGT ATAAAACAAA1020 ACAAAAAAAG CCTCGGTATA ATTTTGTTCC ACGACTTCTT CTGTAGCTTT ACACCAGAAG1080 GAAGGAATGG GCTACAGCAG GTAGTGGAGG AAGAGGGGGG TGAGCAGGTG TATTAAAATA1140 GCTTACGGGT AAGGCCTAAA AGGTCACCCC TCGGCCCCCT CTCCAAAAGA AGGGCATGGG1200 CACCCCCAGG AGAGGATGGC CCCAAAAACC TTATTTTTAT ACATGAGAGT AAATAAACAT1260 ATTTTTTTTA CAAAAATAAC TTCTGAATTT ATCAGTGTTT TGCCGTTAAA AATATTCCTC1320 TATAGTAAAT TATTTATTGG AAGATGACTT TTTTAAAGCT GCCGTTTGCC TTGGCTTGGT1380 TTCATACACT GATTTATTTT TCTATGCCAG GCAGTAGAGT CTCTCTGCCT CTGAGGAGCA1440 GGCTACCCGC ATCCCACTCA GCCCCTCCCT ACCCCTCAAG ATTTGATGAA AATTCCAACC1500 ATGAGGATGG GTGCATCGGG GAAGGGTGAG AAGGAGAGCC TGCCTGCTCA GGGATCCAGG1560 CTCGTAGAGT CACTCCCTGC CCGTCTCCCA GAGATGCTTC ACCAGCACCT GCCTCTGAGA1620 CCTCGCTCTC TGTTCCAGCA ACCCTGGTTG GGGGGTCAGA CTTGATACAC TTTCAGGTTG1680 GGAGTGGACC CACCCCAGGG CCTGCTGAGG ACAGAGCAGC CAGGCCGTCC TGGCTCACTT1740 50 TGCAGTTGGC ACTGGGTTGG GGAGGAAGAG AGCTGATGAG TGTGGCTTCC CTGAGCTGGG1800 GTTTCCCTGC TTGTCCAGTT GTGAGCTGTC CTCGGTGTTA CCGAGGCTGT GCCTAGAGAG1860 TGGAGATTTT TGATGAAAGG TGTGCTCGCT CTCTGCGTTC TATCTTCTCT CTCCTCCTTG1920 TTCCTGCAAA CCACAAGATA AAGGTAGTGG TGTGTCTCGA CCCCATCAGC CTCTCACCCA1980

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1767 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

15

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 25 (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 237:

	TGTGACATTG	TCCTGAGGTT	CATCCGCCTA	AATTATTATT	AGCCATCCCT	TACCAAATAT	60
	TTCAAACCAG	GCAAATGACT	TCTGGAAGAG	AGAGAAAGGA	AGGGGAGAGG	GAGGGAGAAT	120
35	ATGAGTAAGC	AAGCAGGGTC	ATATGGTTAA	ACATGGAATT	TTTTAAAGGA	GTTATTACAA	180
•	GTGGGAGTCA	AATAGAACTG	TGGTAGAATG	CTTTGGGTAC	AGGAATATGT	TATGCAATAA	240
	AGTGAGGAAG	AGAAAAAGGG	AATAAGAAGG	GAGGAATGTA	ACTAGAGCAG	CTCCCAACAG	300
	TTTGCCTATG	TATTTGCCAG	CACCAAAATT	CGTAGAGTAA	GCCACTTACA	TTTCCACTGC	360
	TAGTATTAAG	GAAAGACAGC	AGTGGTGATT	CTTATAAAGT	GAGTATACAT	TTATTCTTAT	420
40	TCTGATATGT	GAATTTTTCT	TTCACCAGTT	AATTAACTGG	TAATTTGTAA	ACAGTGGGAA	480
	GAAGATTAGA	ACAATTATGG	AGGTACTGAA	TTACACAAGG	AGATTAAAAT	GAAATGAATC	540
	AAACTAACCA	CAAGATAGGT	AGATTGATTC	ATTTCATTTT	AATCTCCTTG	TGTAATTCAG	600
	TACCTCCATA	ATTGTTCTAA	TCTTCTTCCC	ACTGTTTACA	AATTACCAGT	TAATTAACTC	660
•	GTGAAAGAAA	<b>AATTCACATA</b>	TCAGAATAAA	AATAAATGTA	TACTCACTTT	ATAAAAATCA	720
45	CCACTGCTGT	CTTTCCTTAA	TACTAGCAGT	GGAAATGTAA	GTGGCTTACT	CTACAAATTT	780
٠.	TGGTGCTGGC	AAATACATAG	GCAAACTGTT	GGGAGCTGCT	CTAGTTACAT	TCCTCCCTTC	840
	TTATTCCCTT	TTTCTCTTCC	TCACTTTATT	GCATAACATA	TTCCTGTACC	CAAAGCATTC	900
	TACCACAGTT	CTATTTGACT	CCCACTTGTA	ATAACTCCTT	TAAAAAATTC	CATGTTTAAC	960
	CATATGACCC	TGCTTGCTTA	CTCATATTCT	CCCTCCCTCT	CCCCTTCCTT	TCTCTCTCTT	1020
50	CCAGAAGTCA	TTTGCCTGGT	TTGAAATATT	TTGTAGGGAT	TGCTTATTAT	ATTATTTTAG:	1080
	CTGATGAACC	TCAGGACAAC	GTCTACACAC	ACACACATAC	ATACACGCAC	ACAAAATCTC:	1140
	AGCTGTTGAA			TTCTGTGTCC			
	AAGTCATTGT	GACTTGAGTA	GTTACAGACT	GATTCCAGTG	<b>AACTTGATCT</b>	AATTTCTTTT:	1260

GATCTAATGA	ATGTGTCTGC	TTACCTTGTT	TCCTTTTAAT	TGATAAGCTC	CAAGTAGTTG1320
CTAATTTTTT	GACAACTTTA	AATGAGTTTC	ATTCACTTCT	TTTACTTAAT	GTTTTAAGTA1380
TAGTACCAAT	AATTTCATTA	ACCTGTTCTC	<b>AAGTGGTTTA</b>	GCTACCATTC	TGCCATTTTT1440
AATTTTTATT	TAATTTTATT	TGCTTGAGCA	CACTGATCAA	CCACTGAACT	GCCTTCTTCC1500
ATTGTCCTGC	AATGATATAA	GGGTTACATT	TTTGTGTATA	TGGCTTTCAT	AGTTGGGATT1560
TCAGAGCACT	GATACCAGAT	ATTTTCAGTT	TGTTCTCTGG	GGGAATTTCA	TTTGCATCTA1620
TGTTTTTAGC	TATCTGTGAT	AACTTGTTAA	ATATTAAAAA	GATATTTTGC	TTCTATTGGA1680
ACATTTGTAT	ACTCGCAACT	ATATTTCTGT	AAACAGCTGC	AGTCAAAAAT	AAAACACTGA1740
AAGTTTTCAT	TTTGCAGTGG	AAAAAA			1767

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:2311 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 20 hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 238:

35							
						GCAGCGCGTC	
. •						GTATCGACAC	
•						AGGACAAGTT	
						TGCTTTTGTG	
40						AGGGACTCCC	
						CCACAATTCT	
						TGGCGCTGCC	
•						CACAGTTCTA	
						TGCACCGGCT	
45						TGGATGAGCC	
						TGCAGCTATC	
						TGCTCCGCCT	
						TGCTCTTCCT	
						ACGTGCAGCC	
50 .						AGACCGCTGC	
						GCAAGCTGTC	
						TCGCCATCAG	
	CTCCACCCTG	AAGTCGCTGC	TGCGCCCCCA	CTTTCTCAAC	ACGCCTGACA	AGAGCCCCGG:	1080

	CGACCGGCTG	ACCGAGATCT				AGGTCATGAT1140
	CAACCTCAAG	ACGGAGGAAT	TTGTGCTGGA	CATGAACACA	CTGCAGGCGC	TGCAGCAGCT1200
	CTTGCAGTGG	GTGGGCGACT	TCGTGCTGTA	CCTGCTGGCC	AGCCTACCCA	ACCAGGGTTC1260
	CCTGCTGAGG	CCGGGCCACA	GCTTTCTGCG	GGACGGCACC	TCGCTGGGCA	TGCTTCGGGA1320
5	ATTGATGGTG	GTCATCCGCA	TCTGGGGCCT	TCTGAAGCCC	AGCTGCCTGC	CCGTGTATAC1380
•	GGCCACCTCG	GATACCCAGG	ACAGCATGTC	CCTGCTCTTC	CGCCTGCTCA	CCAAGCTCTG1440
	GATCTGCTGT	CGCGATGAGG	GCCCAGCGAG	CGAGCCGGAC	GAGGCGCTGG	TGGATGAATG1500
-	CTGCCTGCTG	CCCAGCCAGC	TGCTTATCCC	CAGCCTGGAC	TGGCTGCCAG	CCAGCGACGG1560
	CCTGGTTAGC	CGCCTGCAGC	CCAAGCAGCC	CCTTCGTCTG	CAGTTTGGCC	GGGCGCCCAC1620
10	GCTGCCTGGC	AGTGCTGCCA	CCCTGCAGCT	CGACGGCCTC	GCCAGGGCCC	CAGGCCAGCC1680
	CAAGATCGAC	CACCTGCGGA	GGCTGCACCT	TGGCGCTTGC	CCCACGGAGG	AATGCAAGGC1740
	CTGCACCAGG	TGCGGCTGTG	TCACCATGCT	CAAGTCGCCC	AACAGAACCA	CGGCGGTGAA1800
	GCAGTGGGAG	CAGCGCTGGA	TCAAGAACTG	CCTGTGCGGT	GGGCTCTGGT	GGCGGGTGCC1860
	CCTCAGCTAC	CCCTGAGCCC	AGCTGCCCCT	CAGCTACTCC	TCAGCTACCC	CTCAGCTGCC1920
15	CCTGAGCCCG	GCTGCTGCAA	GAGCCACCGC	TCGCCCTGGA	CTCTCCTCGG	CGCGGTTAAC1980
	CTCAGCCCGC	CCTGCAGGGC	TGTTGAAGGC	CGTGGGCCGG	ACGCCTGCGT	GACCAGCAGA2040
	GCTTCTGAGG	AAGCCCCTGC	CTTTGTCCAG	CTGGGCCCGC	AGTCCACACA	CCACTCTCCC2100
•	AGGACCCCCA	GATCCCTGGA	CCATCTGCAT	CCAGAGGACC	GTCCGTGACG	GCCGGGGGTC2160
	CAGGCGGACC	TTGTGGTGAC	CCGGCTCGGG	CGTCTCCTCG	GTTTCCTTGC	CTCACCCGCG2220
20	GAGAGCGCTG	AACCTGGACA	AGCAGCGGCT	GGGAAGGACA	GGTCCAATAA	ACGCCCTCTG2280
			AAAAAAAGGG			2311

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1772 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

30

- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

40

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 239:

TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60
CTCACACCCC AGTCCGCAGT GCCCCTCCCC AGCCTCGGCC GGGCCTCCCG GGAGCCGGGC 120
GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGGC 180
GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240
CCGCTGCGCG CGAGCCCCGT GTCCCCACGG CGGCCAGCAG CGCCGGCGGC GGCGGCTGAA 300
CGCGGAGGGG GCGGAGGGAG CCCGCGGCGG CGGCAGCAGC TACAGCGAAA TGGCGGAGAC 360

						•
	CGTGGCTGAC	ACCCGGCGGC	TGATCACCAA	GCCGCAGAAC	CTGAATGACG	CCTACGGACC 420
	CCCCAGCAAC	TTCCTCGAGA	TCGATGTGAG	CAACCCGCAA	ACGGTGGGG	TCGGCCGGGG 480
	CCGCTTCACC	<b>ACTTACGAAA</b>	TCAGGGTCAA	GACAAATCTT	CCTATTTTCA	AGCTGAAAGA 540
	ATCTACTGTT	AGAAGAAGAT	ACAGTGACTT	TGAATGGCTG	CGAAGTGAAT	TAGAAAGAGA 600
5	GAGCAAGGTC	GTAGTTCCCC	CGCTCCCTGG	GAAAGCGTTT	TTGCGTCAGT	TCCTTTTAGA 660
	GGAGATGATG	GAATATTTGA	TGACAATTTT	ATTGAGGAAA	GAAAACAAGG	GCTGGAGCAG 720
	TTTATAAACA	AGGTCGCTGG	TCATCCTCTG	GCACAGAACG	AACGTTGTCT	TCACATGTTT 780
•	TTACAAGATG	AAATAATAGA	TAAAAGCTAT	ACTCCATCTA	AAATAAGACA	TGCCTGAAAT 840
	TTGGCAAGAA	GGGGCAAAAA	CGTGACTATT	AATGATTGAT	AAGCACCAGT	GAAGAAGTTC 900
10	TAACTTTTAG	CATGCTGCAC	AGAAACTGGT	ATAACATGCC	TTCAGTATAC	TAACACTCAT 960
	ATGCTCAGTT	TTGTTTTGTT	TTGGCAGTTG	ACAAGAAGTT	AATTTGCTTT	AGTAAAAATC1020
	CCTCATTCCA	GCCTTTCTAT	ATAAATAGCT	CTTTCTTGCT	GTTTTÄATGT	GGTGCACACT1080
	ATAGCCTCAC	AAACCTGTTA	TTCCAGTGTA	ATCTGCAGTG	TCGTAACTAA	AGTTACTGGC1140
	TTGGTCTTAT	TTGCACAGTT	TTTGCGTCTT	GTTTGCTTCT	TGCATCTGAT	TAACTAGAAT1200
15	ATTTCTCTTT	CCCCCTTTTA	ATTTGTGATG	TCACTTGACC	CCATTTATGT	GTAGGAGCAC1260
	TACACCATTG	GTTTCCAATA	CTGCACACAT	AAGATACATA	CTTGTGTGCA	GAAAGTATCT1320
•	TCCTCCAGGC	TTGTAATACC	CTTCACATGG	AAGATTAATG	AGGGAAATCT	TTATATTCTG1380
	TATAAAAACA	AAAGCAAATT	TATATACTAA	AATCATTTGT	CTAAAAATTT	AAGTTGTTTT1440
•	CAAATAAAAA	TTAAAATGCA	TTTCTGATAT	GCACTGATTG	TGTTGCCTCC	AGCTTTTTTT1500
20	GCTCTCTATG	AGTGACTACT	TAAGTCACTT	GTTGAGAGGG	ATTATTTACT	AATTATATAC1560
•	TTCTCATTCC	TGTAACTCCA	TTCCCTTTAA	ACAGTGGTGA.	TATCAAATAT	ACTTCCATCC1620
	ATTGAATGGG	GTATTTTTAA	CAACAACAAA	AGTGATATAC	TAAAAAATGT	ATTGCTTAAG1680
	GCTTATTGAA	TCATTTTGAA	GCACTTTGTG	TATTTGAAAA	CTGCTTTATA	ATCTCATTTA1740
	TTAAAAGGAC	TTTCAAAGAT	AAAACCAAAA	AA		1772
0.0	•					

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:2409 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

35

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 240:

						GTGAGAGGAT 240
						GGCTCAAAAA 300
						TACAAAGTGA 360
						GAAATCATAT 420
5						CTTAGGCACC 480
	CCCCAGCAAG	GCAACCCAGG	GACTACAACT	GGCAATCCCA	ACTCCTGGGC	TAGGGCTTTG 540
	TCTACCTTTT	TTTGCATTGG	CCTCTTAAAG	AGGCAATGAA	TACTAATTCC	TGGCATCAGA 600
	AAAAAAAAA	GGCATGAGGT	GGGAGGATTC	TTTTTTCCCT	GATGGGAAAC	AGTGAATAAG 660
	AAAAATCTCA	TCATTCGATG	GAAGAGGTGA	CTTAATAATT	TTATTAATGA	ATTTGATGTC 720
10						TAAATAATTT 780
						TTTTCATATT 840
						TGAGATCTAA 900
						GCTTGTAAAA 960
						ATATTTTTAT1020
· 15						CATAATTAAG1080
						GGTTTCTCCC1140
						CCATCTTTCC1200
:						ACAAATTATT1260
						TCCTAGCTGG1320
20 -						TTTATGAACC1380
			•			GTATGGATCA1440
						CATTTGGAGA1500
						ACTGCTGGGT1560
						CAAGGTCAAG1620
25						AAGATCTTTC1680
•						TGAAACAGAA1740
						ACTCTCATCG1800
						TTCTGTTTAG1860
						TACCCCTGTT1920
30						GACGGTTCTG1980
						CTTCAATCTT2040
						CTTCTGTTAT2100
						TGTATTGCAA2160
						AAGTGACAAT2220
35						GACATCTAAA2280
						AAGCTTCGTG2340
		ACAAGTTCTG	TTTTTAAAAC	GAATACAAAT	AAAGTTAGTA	ACTATTTTA2400
	AATCAAAAA					2409

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:2594 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 55 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

# (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 241:

10	CGCCCTTTTT					
,	TCAACACTCT	TTTTGCTTTA	AAAAGAATGG	CCTTACAAAG	GGACAGAAAA	GAGAAGACAC 120
						CCAGGACCTG 180
						TTGGAATATC 240
						CTTCCCTTAA 300
15						TCCTTGCCAT 360
						CAAAATGTAT 420
						CAAAAAGATC 480
						TAAAGTACTA 540
						TTTCAGTTGA 600
20						CCACAGACAT 660
•						TGCATTTGCC 720
						TCAATGCCCC 780
	GTCCTGATGA	AGTGTGCAGA	CTCTCAGAAA	CAGCAGGAAG	GACTTCATGA	GAACCCTCAG 840
						AGAAGCTACA 900
25	GGCAGGCACA	GTTTAGCTCC	TGCAGAGACC	CAGCTTTTCA	CAAGTTGGAG	CCTTCCAGAG 960
	ATAGAGGGAC	TGTGGTAGGT	GGTGACCCAC	CCATCACTGG	AGGTGGAAGC	AGAGGCCGTT1020
						GCTCAGGGCC1080
						TTTGTTTGGT1140
						CCCTGTCAGC1200
30						GTCTCAGAGA1260
						GGCAGGATGG1320
						TGCCTAGGAC1380
	CCTATAGATA	CCATCACTCT	TTCTCAGCTC	GACTGGAGTT	TCTGCACCTT	TGCAGGGGCA1440
	AAGTAACTCC	CTGCACCCTG	AACCACCCC	CATTCCTGTT	CATTTCAGCA	GATAATGATG1500
. 35						AACTTCCAGC1560
	CAACTTTCTC	AGTCCTTTCT	CTTGCGAGAG	GGAAGCCACC	TGCTATACAA	ACTAATACCC1620
	CCTGCCTTGA	CCCCTTCCCC	ACGACTCAGT	TGACAGAAGG	ATATACTTTG	TTATAACTTA1680
	TTATTTTGTT	CTCTGTAAAT	ACAAGATGTT	TATAGGAAAT	ATGTATTCTG.	AACTCTATCT1740
	GCAGAATGAG	TCACTACACC	AAAATAGTTC	TATTATTTAG	AATGTGTTAA	TTTTAAAGGG1800
40	ACCTGATAGG	TATTTATTTA	CATATGCGAT	CCACATTTGT	GTGAAAGCAT	GTGATCATAC1860
	TAACCCAGCC	TCCTGGAATG	TCGCTGTACG	ATGATTGATG	TCTTTTTCTC	AGTCCATAGT1920
						AATATAAATT1980
	ACTCTGCTTT	TCGACTCATT	CAGGTAGCAT	TGTACCTGAA	CCTGATTGCT	ACTTTTTCAT2040
						ATTTGGAGAA2100
45	GGAAATGGGA	GGGTGTCTGT	TATCCCTTTC	TCTTTGCTTT	GTCCCCGTTG	TTAGACTGGC2160
	AGCGTCAGTT	GCTCGGTGGG	CTTGGTTAGA	GCCGTGGGTG	AGGCAGGTGG	CTGGCGGGGA2220
	CAGGGAGAGG	CTGAGAGGGA	AGTGGTGGCA	TTTACTGCTC	TGACACTTCC	ACTGTCCCTG2280
	CTGGGGATGC	TGGGGCCAAG	GCCTGTGGGG	CCTGTGAACT	GCACAGCCAG	GAGCAAGGAA2340
•	CCCACTAAAT	ACTCCGTCAC	CTCCATGTCC	CCTCTACAGT	GTTAAATTAT	TACATAAGCA2400
50	GGTGAAAGGT	AGAAGGCGAA	TTATGTGAGT	AAATATGGTC	TGTTTTCTCT	TCAGCAAAAA2460
•	TGACTATTTT	TGTGTGTGAC	TAATTTATTT	TTATTATTGT	AAAGATACAA	TAAACCGGTT2520
	GAAATATCTG	CTTTGTTGAC	AAGCGTGTGC	TTTCTATGGC	NTTATTNGCG	TTCTGTTNTC2580
	CTGNAAATAG					2594
				. *		

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:1012 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:
  - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 242:
- TGAACTGGAG AGGTGAAGGT TGCAGTGGCC TGAGATCGCG AAACAGAGCG AGACTCCATC 25 TCAAAAAATA AATAAATAAT AAAATTGGCC GTTCACGGTG GCTTATGCCT GTAATCCCAG 120 CACTTTGGGT GGCCGAGGCG GGTGGATCAC CTGAGGTCAG GAATTCGAGA CCAGCCTGAC 180 CAACATGGAG AAAACCCCGT CTCTACTCAA AATACAAAAT TAACCGGGCG TGGTGGCGCA 240 TGCCTGTAGT CCCAGCTACT TGGGAGGCTG AGGCAGGAGA ATCACTTGAA CTCAGGAGGC 300 AGAGGTTGCA GTGAGCTGAG ATCATGCCAT TGCACTCCAG CCTGGGCAAC AAGAGTGAAA 360 30 CTCCGTCTCA AAAAAAAAA AAAAGAGATG TTTTTCATTT TTTTCATGTT ATCTATCCAA 420 GCACTGTTCC ATGGTCAGCA AGTCATATTT CATAATGTGG ATTTTCCAAA ATAATTATTG 480 AATACAGCTA TTCTATGGCT ACTTTTAGTG TTTTTGTGGT ATGTGGTGTG GGAGTGTTTA 540 TGGAATTACC AGTATCTTAA ATTTTCAAAG GAACCTTGGA AGTCTATCAC TCTAAATGAA 600 AGTCTGTCAC TCTACATGAA TTATGTGCTC AAATTTGACC AACTCAGTTT AAGACACAAA 660 ACAGTAATTT GAAGAAGGAA AAATGAAGAG AGTTTCTAGT TTAATGGGTT AAATTTTTGT 720 35 TGTTGCAATA GTAAGTTTAG TCTTCTTATA ATATTTCTAA ATGAAAAATC ATAGGTATTT 780 GTTACCATGT GTGAAGATTA CTTTGTTAAA AGCAAAAGTG GTCGTGTGAT ATGCTAAATG 840 TTAATTACTG ATTTTATATG TTTAAATCAC GCCAAACAAA TTATGTCTGT GCCATCCAGG 900 GTCTGTTGTT AATCTTTTC TGAGTACTTG GATTGGGATA AAGGGCTTGT ACTATGCACT 960
  - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:
    - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
      - (A) LÄNGE:1206 Basenpaare
      - (B) TYP: Nukleinsäure
      - (C) STRANG: einzel
      - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

```
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN
```

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 \_\_\_\_(vi)\_HERKUNET:\_

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### 10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 243:

15 TGAGACGGAG TCTCGCATCT GTCGCCCAGG CTGGAGTGCA GTGGCGGGAT CTCGGCTCAC TGCAAGCTCC GCCTCCGGG TTCACGCCAT TCTCCTGCCT CAGCCTCCCA AGTAGCTGGG 120 ACCACAGCA CCCGCCACTA CGCCCGGCTA ATTTTTTGTA TTTCTAGTAG AGACGGGGTT 180 TCACCGTTTT AGCCGGGATG GTCTCGATCT CCTGACCTCG TGATCCGCCC GCCTCGGCCT 240 CCCAAAGTGC TGGGATTACA GGCGTGAGAC CGCGCCCCAC ACTATGAGTG TTTTTAACAC 300 20 CATTCTCCCC CACTTCTCTC CTGGGTGACA TAAGAGAGAA ATAACCNTGT AGTACAGCAG 360 CTAAAGTATT CTCCTTTCAG AGAANNTTTT TTTGGAGGTC TCTAATATAT ATTTCCCCCN 420 TTGTCTCTGT GATCTCTTAT TTATACTATA TTATTGTCCC ATGTACTTTC TAAACTGAGC 480 TTGGAACATT TAGTATTCCT GCAATTGGAC TTCCCACTTA ACAATTATAC AGACTTTGCT 540 TTTAGAAATA GATTAGGTTC CAAACAGAAA GTTCNAANGT GTAACAACNA ACAATAAAAA 600 25 TAGATTATGA AACANGGCTA TAATTGGCTC TTTTGGATTT NGATAGGGGC AAGATGAAAG 660 GNCAACNTTT CTTGCNTTTT GAAANNTCAT NGTTNGGGTA ANGAGGTAAG GNAATNCCAG 720 CTANCAATTT TNATTAGTGC TTGNAAANCG GGCTTNCCTT NGAATTCNTC CANGGNCCCT 780 ATCATTTTT TTTTCTTNAC TAATNCAGAA GAGAGNCTGG GGTAGAAGNC CCCATNGTTT 840 GTATTCCNAT GAAACACNGT CGGGTTGGNA GTAAAGGCAA AAACAGCNTA GACACCAG 900 GNTGTGTCTG NNTTTGACAT TTATAAGCTG GCACTCATCA ACACTCCTGT TTCTCCTTTC 960 TCTGGGACGT GTGGATTAAG GGGTGTGAGT TGTGGGAAGA ATTGNCCCTC GTACCTCCTG1020 GATTTATTAT TTTTCTCAAA TACCAACCNA GTAAGATCCC AAATAACTTG AGAAAAATTG1080 TTTCCTGATC TGTCCACTTC TGGTGTCAAA GATTTTACTC ATCTTCTTAG TACATTCTAT1140 35 GTATTTTATA TGTATAATTT TNATACAATT AAAAATAGAT TTTTGTNCTA GTNGAAAAAA1200 AAAACA

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:2514 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

217 PCT/DE99/00722

WO 99/46375

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

\_(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 244:

```
AAGGTGAAGA GCGGCATCCG GCAGATCCGG CTCTTCAGTC AGGATGAGTG CTCCAAGATC
    GAGGCCCGCA TCGATGAGGT GGTGTCCCGC GCCGAGAAGG GCCTGTACAA CGAGCACACG 120
     GTGGACCGGG CCCCCTGCG CAACAAGTAC TTCTTCGGCG AGGGCTACAC GTACGGGGCC 180
     CAGCTGCAGA AGCGCGGGCC GGGCCAGGAG CGCCTCTTAC CCGCCGGGCG ACGTCGACGA 240
     GATCCCGGAC TGGGTGCATC AGCTGGTGAT CCAGAAGCTG GTGGAGCACC GCGTCATCCC 300
15
     CGAGGGCTTC GTCAACAGCG CGGTCATCAA CGACTACCAG CCCGGCGGCT GCATCGTGTC 360
     CCACGTGGAC CCCATCCACA TCTTCGAGCG CCCCATCGTG TCCGTGTCCT TCTTTAGCGA 420
     CTCTGCGCTG TGCTTCGGCT GCAAGTTCCA GTTCAAGCCT ATTCGGGTGT CGGAACCAGT 480
     GCTTTCCCTG CCGGTGCGCA GGGGAAGCGT GACTGTGCTC AGTGGATATG CTGCTGATGA 540
     AATCACTCAC TGCATACGGC CTCAGGACAT CAAGGAGCGC CGAGCAGTCA TCATCCTCAG 600
20
     GAAGACAAGA TTAGATGCAC CCCGGTTGGA AACAAAGTCC CTGAGCAGCT CCGTGTTACC 660
     ACCCAGCTAT GCTTCAGATC GCCTGTCAGG AAACAACAGG GACCCTGCTC TGAAACCCAA 720
     GCGGTCCCAC CGCAAGGCAG ACCCTGATGC TGCCCACAGG CCACGGATCC TGGAGATGGA 780
     CAAGGAAGAG AACCGCCGCT CGGTGCTGCT GCCCACACAC CGGCGGAGGG GTAGCTTCAG 840
     CTCTGAGAAC TACTGGCGCA AGTCATACGA GTCCTCAGAG GACTGCTCTG AGGCAGCAGG 900
25
     CAGCCCTGCC CGAAAGGTGA AGATGCGGCG GCACTGAGTC TACCCGCCGC CCTCCTGGGA 960
     ACTCTGGCTC ATCCTTACGT AGTTGCCCCT CCTTTTGTTT TGAGGGTTTT GTTTTTGTTC1020
     ATTGGGGGGT TTTTGTTTTT TGTTTTTTGT TTTTTTTGAT TCTATATATT TTTCCTTGGT1080
     TTTGTTGCCT GTTAAGGCTG AAGAATAGAA TTGGCCAGGA CCTAGGTTCT CATATTCTTG1140
     GTATTCCTCC TGGATGGAAA GGCTGTTGGC ATCAATAGGG GACAGAGGCT GATGCTGGAG1200
30
     TGGCCAGTAG AGGTGGTGGA GCAGAGCAGC CATCTTTTAA GTGGGGCTGT ATCAGGCTGG1260
     GTTTATTTAA AAGCAACAAA ATGTTTTGGT TAAGAAAATT ATTTTGCTTT CAGTGTAAAT1320
     CTTCGCAGTG TTCTAAACAA AGTTCAGTCT TCTGCTCGCC CCTTTCCCTC ACTGATGTCT1380
     GCACTTGGTT GAGGTCTCCT GGAGCCTCAC AGGCTCTGCT GTTCTCCACT TCTCACCTGC1440
     CATCCACGCC CTGCAAGCTC ATGCAAACAC CCTTTCTTCC TCCTGCGGCA GAGTTGTTCA1500
35
     GGTTGCCTGG GCAGGGGCTT AAACAGTGCC AGCCCCTGCC ATCCCAAAGC TATTGTTAAG1560
     CCCCCAGGC GTCCTCCACC CACGCCCACT AGCCTGCCAT GTCCACAGTT CCTTGGGCTG1620
     CTGAGGGGCT AGTGCAGTGG TCCTGACCTC TCTTATCAAG AGCACACTTC TTTGCTGGTT1680
     GCTCCTTTTG AGCATATGCG TGTGATTATT TGGAACAGTT AGACTTGCCA CGTTGGGTCA1740
     GTTTTAGAAA TTGTTTCTAG CTAGAGGGAC TGGTGTCCTT CCAAGTCTAG CATTTGGGGT1800
40
     ATGGAAAATT GTTGTGGTGT GTGGTAGGGT TTTTGTTTTC TTTTTTGAGT TTTTTTTCCC1860
     CCTTTAGTCT CCTGGCTTTT TCCTTTCCCT TCCCTTCTCC ACTGGCCAGC TTGGGCCTCA1920
     TCCTCATGTC ATCCTTCTAG GAAGGCGCCT GCCCCATCTT GTCTGCCGGC AGCATGCATC1980
     CAAGGCCAGA GCTCAGGCCT GCAGACTGGG CTGGTGCCTC CTCCGCTTCA GGGTATGGGA2040
     GTTGGTGAAG GGGCTTTCAA AAAATAATAA GAAAAAAAA GTAAAGTCTT TGGTAGCTTC2100
     TATCCACTCA GATCCTGGAA GGCAGCAAGG TTTTGTGGAT CTAGATTCAT TAGGAATGTC2160
     TTCTTGTCAG CCAGGCCAGG ACCCGGGCTT GCCAAGAGCA GAGGCCCTCC CAGCAACCAG2220
     GATACCACCA CTTTGGGGGC TTTGTGTACA GAGGTCCGGG TCTGAGACCT CATAGGCTGC2280
     AGAAATCTGG GGCAGCCACC ATCAAGAAGC CCCTCTCAGG GGCCAGAACT CCTTTGCCAG2340
     CGTGGATTTC TCAAGTCGGG ACTGCATAAT TAAAGCAGTT GCAGTTTTAT TTTTTTTACA2400
     GCTTTTTTCC CAAAAATGAT TTGTAGTTGT GTGTGCAGCA CTTCGCCCTG ATATGTGTGC2460
     ТСТАСААТАА АААССАААТС ТААТАТАТТТ ТGAAAAAAAA AAAAAAAAA AAAA
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

- (A) LÄNGE:3903 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

\_\_(ii)\_MOLEKÜLTYP: Aus\_einzelnen\_ESTs\_durch\_Assemblierung\_und\_Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

15

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 245:

GCAGTTGGAT CCCTGGCGGG TGCGGCCCGG CCCGGCCCGT GAGCGGCGCA CAGAATGGGC 60 CGATGCTGCT TCTACACGGC GGGGACGTTG TCCCTGCTCC TGCTGGTGAC CAGCGTCACG 120 CTGCTGGTGG CCCGGGTCTT CCAGAAGGCT GTAGACCAGA GTATCGAGAA GAAAATTGTG 180 25 TTAAGGAATG GTACTGAGGC ATTTGACTCC TGGGAGAAGC CCCCTCTGCC TGTGTATACT 240 CAGTTCTATT TCTTCAATGT CACCAATCCA GAGGAGATCC TCAGAGGGGA GACCCCTCGG 300 GTGGAAGAAG TGGGGCCATA CACCTACAGG GAACTCAGAA ACAAAGCAAA TATTCAATTT 360 GGAGATAATG GAACAACAAT ATCTGCTGTT AGCAACAAGG CCTATGTTTT TGAACGAGAC 420 CAATCTGTTG GAGACCCTAA AATTGACTTA ATTAGAACAT TAAATATTCC TGTATTGACT 30 GTCATAGAGT GGTCCCAGGT GCACTTCCTC AGGGAGATCA TCGAGGCCAT GTTGAAAGCC TATCAGCAGA AGCTCTTTGT GACTCACACA GTTGACGAAT TGCTCTGGGG CTACAAAGAT GAAATCTTGT CCCTTATCCA TGTTTTCAGG CCCGATATCT CTCCCTATTT TGGCCTATTC TATGAGAAAA ATGGGACTAA TGATGGAGAC TATGTTTTTC TAACTGGAGA AGACAGTTAC 35 CTTAACTTTA CAAAAATTGT GGAATGGAAT GGGAAAACGT CACTTGACTG GTGGATAACA 780 GACAAGTGCA ATATGATTAA TGGAACAGAT GGAGATTCTT TTCACCCACT AATAACCAAA 840 GATGAGGTCC TTTATGTCTT CCCATCTGAC TTTTGCAGGT CAGTGTATAT TACTTTCAGT 900 GACTATGAGA GTGTACAGGG ACTGCCTGCC TTTCGGTATA AAGTTCCTGC AGAAATATTA 960 GCCAATACGT CAGACAATGC CGGCTTCTGT ATACCTGAGG GAAACTGCCT GGGCTCAGGA1020 40 GTTCTGAATG TCAGCATCTG CAAGAATGGT GCACCCATCA TTATGTCTTT CCCACACTTT1080 TACCAAGCAG ATGAGAGGTT TGTTTCTGCC ATAGAAGGCA TGCACCCAAA TCAGGAAGAC1140 CATGAGACAT TTGTGGACAT TAATCCTTTG ACTGGAATAA TCCTAAAAGC AGCCAAGAGG1200 TTCCAAATCA ACATTTATGT CAAAAAATTA GATGACTTTG TTGAAACGGG AGACATTAGA1260 ACCATGGTTT TCCCAGTGAT GTACCTCAAT GAGAGTGTTC ACATTGATAA AGAGACGGCG1320 45 AGTCGACTGA AGTCTATGAT TAACACTACT TTGATCATCA CCAACATACC CTACATCATC1380 ATGGCGCTGG GTGTGTTCTT TGGTTTGGTT TTTACCTGGC TTGCATGCAA AGGACAGGGA1440 TCCATGGATG AGGGAACAGC GGATGAAAGA GCACCCCTCA TTCGAACCTA AACATTGCCT1500 TTGCTTGGTG AAGAAACTGT GTGAGCTGTC CTGACCTGGA CGATGACGTG GGGAAACCCT1560 CCACCTCCTT GCAGGCTTGT TGCCTGTTGA AAGAAGGAAA AAGACACGGC GCTGGCAAGT1620 50 GATAGGAACA TTCTGGCCAG AGGTTAAAGA GCAGGCTGAC ATGGCTGGCC ATTAAGCTTT1680 ATAAAATCAT GTGGGCTCTG AAATTGTTCT TTTATGTGTC TAGCAAGTAT TTAATAAACC1740 CTTGTATAGT AAAAAAAAG TTGTTGGGTG CTGGTAGCTC CAGAATTTTG TGACCACTAT1800 TGTGGGTAAA ATGTCTCTGC ATCACTTGTT AATGCTACTG GTCTAACTTC ATTCAGTATG1860 CTTCATTCAC CGAACTTTGT GCTCAAAATG CGTATATACC ATTTTATGTT GTATTCCTCC1920

	3 mmm	~~~~~~~~	CU222U22C2	CMMCCCCACC	CACCCTTAAAA	TGGTAGCTTC1980
						ATGCTGATCT2040
						ACTGGGTAGA2100
_						TAAGCTCCTA2160
5						TGGTGAGGAT2220
						ATAGTTAACT2280
						AATGTAATGA2340
						AATTAATCTA2400
		•				ACAGCCTAAG2460
10					-	GGGACAGCCT2520
						GTTCTTTCCA2580
						ACTTCCTGTG2640
						ACTTTAAAGA2700
			GCAGAGACAC			GGTTTCAGCA2760
15			GGAGCCATCA	<del></del>		TCAAGCATAT2820
	TTAAGGGCAT	TTTCTTTGAT	TCTCAAAGTT	CAGCATTCAT	TTTGAATTGA	GAAGCCTATA2880
	CATTTAGCTG	ACAAAGTGCT	TATAGAATTT	CTTAACAACT	GAACCATTCA	AAAGGATTTT2940
	TTTTGTTTAA	AACTGGATTT	CAATGTAAGC	AAATGAAGAA	AAAATATAGA	TTTCATTTCC3000
	ATAGCTTCTT	ATCCCTGTAT	TGAGGTAATA	<b>AATTGTTTTA</b>	CTGACAATTT	TTCCTTTTTC3060
20	TACACTAAAA	CAATATGTGA	TATATTTCCC	CTCTTGAAGA	GGCAATTCAT	TAAACTCTCA3120
	AATTTTCTAT	AGAATCAAGA	TAGAACCTTT	AGATACTCCA	ACTCACCAAA	ATGTAAAAAA3180
	ACTAACAAAA	ATATTTGGTC	TTCAATAATG	CTAAATATCT	ACATTTTTAG	AATTTATCAA3240
	CATTTAACTA	GATAATTGGG	CATGTCTTAA	TTATGCATGT	ACTTATCCAT	ACTAATAAAA3300
	TTGACAATGC	TAGTGCATAC	TTATTGGTTT	<b>AGTCCTATTA</b>	TCAGGATATA	ATCATCTGTG3360
25	AGGAGGATAT	TTTAAATACT	GTAAATGATA	ACAGTTAATG	ATATACACAT	TTAGACTGAG3420
	TTGCACACTG	GCAGGGAGAC	CAAAAACATT	ACTTCCATAC	TTGTGTCATG	ATTCTTTTTT3480
,	TTTTGAGAGA	GTCTCACTCT	GTCGCCAGGC	TGGGAGTACA	GTGGCATGAT	CTCGGCTCAC3540
	TGCAACCTCT	GCCACCCCAG	GTCCAAGTGA	TTCTTCTGCC	TCAGTCTCCC	GAGTAGCTGG3600
	GACTACAGGC	ACCCACGAGC	ATGCCTGGCT	<b>AATTTATGTA</b>	TTTTTAGTAG	AGACGGGGTT3660
30 -	TCACCATGTT	GGCCAAGCTG	GTCTCAAACT	CCTGACCTCA	AGTGATCCAC	CCACCTCAGC3720
•	CTGTCGAAGT	GCTGGGATTA	CAGGTGTGAG	CCACTGCGCC	CACCTTCTAT	TTTCATCTTC3780
	TTTTTAAGGA	ATTAATTATT	TGAATATGGC	AAACATCCAC	<b>ATGGGGCCTA</b>	AAGTCAAATA3840
	ATGTAAAGCG	ATACATTAAA	AGGGCTTTAC	TTCCCACCTC	TTTAGGTCTT	AATTCAGTCA3900
	GTT					3903
35						

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE:1730 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 246:

	GCATTTCTGC	CATCGCCCAC	CGTGGCGGCA	CAAGCGGCAG	CCCGAGAACA	CGCTGGCGGC 60
	CATTCGGCAG	CTAAGAATGG	AGCAACAGGC	GTGGAGTTGG	ACATTGAGTT	TACTTCGGAC 120
	GGGATTCCTG	TCTTAATGCA	CGATAACACA	GTAGATAGGA	CGACTGATGG	GACTGGGCGA 180
10	TTGTGTGATT	TGACATTTGA	ACAAATTAGG	AAGCTGAATC	CTGCAGCAAA	CCACAGACTC 240
	AGGAATGATT	TCCCTGATGA	AAAGATCCCT	ACCCTAAGGG	AAGCTGTTGC	AGAGTGCCTA 300
	AACCATAACC	TCACAATCTT	CTTTGATGTC	AAAGGCCATG	CACACAAGGC	TACTGAGGCT 360
•	CTAAAGAAAA	TGTATATGGA	ATTTCCTCAA	CTGTATAATA	ATAGTGTGGT	CTGTTCTTTC 420
	TTGCCAGAAG	TTATCTACAA	GATGAGACAA	ACAGATCGGG	ATGTAATAAC	AGCATTAACT 480
15	CACAGACCTT	GGAGCCTAAG	CCATACAGGA	GATGGGAAAC	CACGCTATGA	TACTTTCTGG 540
	AAACATTTTA	TATTTGTTAT	GATGGACATT	TTGCTCGATT	GGAGCATGCA	TAATATCTTG 600
	TGGTACCTGT	GTGGAATTTC	AGCTTTCCTC	ATGCAAAAGG	ATTTTGTATC	CCCGGCCTAC 660
	TTGAAGAAGT	GGTCAGCTAA	AGGAATCCAG	GTTGTTGGTT	GGACTGTTAA	TACCTTTGAT 720
	GAAAAGAGTT	ACTACGAATC	CCATCTTGGT	TCCAGCTATA	TCACTGACAG	CATGGTAGAA 780
20	GACTGCGAAC	CTCACTTCTA	GACTTTCACG	GTGGGACGAA	ACGGGTTCAG	AAACTGCCAG 840
•	GGGCCTCATA	CAGGGATATC	AAAATACCCT	TTGTGCTAGC	CCAGGCCCTG	GGGAATCAGG 900
	TGACTCACAC	AAATGCAATA	GTTGGTCACT	GCATTTTTAC	CTGAACCAAA	GCTAAACCCG 960
	GTGTTGCCAC	CATGCACCAT	GGCATGCCAG	AGTTCAACAC	TGTTGCTCTT	GAAAATCTGG1020
	GTCTGAAAAA	ACGCACAAGA	GCCCCTGCCC	TGCCCTAGCT	GAGGCACACA	GGGAGACCCA1080
25	GTGAGGATAA	GCACAGATTG	AATTGTACAA	TTTGCAGATG	CAGATGTAAA	TGCATGGGAC1140
•	ATGCATGATA	ACTCAGAGTT	GACATTTTAA	AACTTGCCAC	ACTTATTTCA	AATATTTGTA1200
	CTCAGCTATG	TTAACATGTA	CTGTAGACAT	CAAACTTGTG	GCCATACTAA	TAAAATTATT1260
	AAAAGGAGCA	CTAAAGGAAA	ACTGTGTGCC	AAGCATCATA	TCCTAAGGCA	TACGGAATTT1320
	GGGGAAGCCA	CCATGCAATC	CAGTGAGGCT	TCAGTGTACA	GCAACCAAAA	TGGTAGGGAG1380
30	GTCTTGAAGC	CAATGAGGGA	TTTATAGCAT	CTTGAATAGA	GAGCTGCAAA	CCACCAGGGG1440
	GCAGAGTTGC	ACTTTTCCAG	GCTTTTTAGG	AAGCTCTGCA	ACAGATGTGA	TCTGATCATA1500
	GGCAATTAGA	ACTGGAAGAA	ACTTCCAAAA	AGATCTAGGG	GTATGCTCAT	GGTGCAAAGT1560
	GGGGGAACTA	AACTCTTAGG	GGAGAAGAGG	GGGTGACCCG	CAAAAGAGAC	GAGATTAGAG1620
	GGAACGAGAG	GGGGAAGCCG	GAGAGTCCAG	GAAATAAGGA	GGTGAAGAAA	GAAGGTTGTT1680
35	TAAGGCGAGC	TGGGGAAGTT	GGAAGCCCGA	AACTTGAAAG	GAGGATAAAA	1730

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE:3439 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs
  - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
  - (vi) HERKUNFT:
    - (A) ORGANISMUS: MENSCH
    - (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi)-SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ-ID-NO: 247:

```
CAGATTTTGC CGGCTTTTAT CCTTTTATTT AACGGATTGA AAAGAGCATA TGCCTGCCAT 60
    GCAGAACATG AAACCGAGGA ACTGGGGAGT GATGAAGATG ATATTGATGA AGATGGGCAA 120
    GAATATTTGG AGATTCTGGC TAAGCAGGCT GGTGAAGATG GAGATGATGA AGATTGGGAA 180
10
    GAAGATGATG CTGAAGAGAC TGCTCTGGAA GGCTATTCCA CAATCATTGA TGATGAAGAT 240
    AACCCTGTTG ATGAGTATCA GATATTTAAA GCTATCTTTC AAACTATTCA AAATCGTAAT 300
    CCTGTGTGGT ATCAGGCACT GACTCACGGT CTTAATGAAG AACAAAGAAA ACAGTTACAG 360
    GACATAGCAA CTCTGGCTGA TCAAAGAAGA GCAGCCCATG AATCCAAAAT GATTGAGAAG 420
    CATGGAGGAT ACAAATTCAG TGCTCCAGTT GTGCCAAGTT CTTTCAATTT TGGAGGCCCA 480
15
    GCACCAGGGA TGAATTGAGT TATCTCTTTC TTTCCTGCTG TGTGCTTGTA GTGAAGAGCT 540
     TGTGTTCCTC CTAGTAGTGG TTCCAGAACT GGTTCATGTT ATCTATTCTA AACTAATAAT 600
     CAATAGATGG ACAAAAGAAA CAACAACCCC AGGAGATGGG ACCTGATCAT GCAACCTGGC 660
    ACTGGAAAAG AAATCAGCGG GATTTTGGGG GTGGGGGGGA TGGGAGGTAC CTTAGAGGGA 720
    GTATTTTCTT TATTTTTGA AGAAAGTAAG ATCCTGACTC TGAAGCTTCA AAGTGACACT 780
20
     GTGGAAATCT GAAACGAGGG GATGTCATGA AGGCAGCTTT TCTTTTCTG AGGAAAAAAT 840
    AGGCATGGGC TACAGGACTA TTTAAAATGT CTCATTTACA GTATAAAACT CAAAGGTAGA 900
    TGTAATTTTT ACACCTATGA GTATTTGTCC AATTTCTGTC TCTTCCTCAC CATTGGGTAT 960
     CTATTCTTTA TATGTAAATA AGATAAGGTC ATCTGATAGC CTTATTCAGT CTTCATCATT1020
     TTCATCATTG TTCCTATGTA GATTATTGGA CATTTATTGT AGCACTACAT AACTGATTAT1080
25
    AAAAATCTGT AAATGAATTA GCACTTTCAT ATTGAAACAA GCCTGCTAGC CTATGTATAA1140
    AATAGCAAAA TGTTTGCTGT TTATAAAAAG ATGTAATGGG GTGGGGGGCA GGGGTAATTT1200
     CAAGTTATTA ATTTAAAAAT GAACTAGCAA TTTTGTACCT GGTGACTTTG TGGTGCACTC1260
    ACCTCTGATA GTGACTTGAA TTCGGTATGT AAAAAGGGGT TAGTGGTATT TCATTGCTGC1320
     TAAAAATGAC AACTCCCTCT GTGTCCTGTT TTTCTTAAAG CTGTCAGTGT ACAAGTGGGT1380
30
    ATTTGAATAC CAGACCTTAC TGTAAAAAAT AAAAAAGGTG GTATCTAGAG CATGTAAATT1440
     GGATATAAAG TTCTGCTCTT AAAGAGTTGA TCTAAGAGTA TGGCTAAACA TCTATATATG1500
     CAATCTATTA AAAGAACTTA ATTCGGCTAT TATGTCTTGA TTTGATTGCA GTTTTTTCCT1560
    AATTATAACA AATTTTTCCT CATTGGCCTG TTTTTAATCC TGTGCCTAGA AGGAGTACAA1620
    AATGCACACT TTACAAAATT GATATTTAAC ACTTACCCAC TCCCCTTTCC CCATCTCTTC1680
35
     TACCGCTCTT GTTGATCGTG GTATCTGATC TTGACTAGAT AGGCTGAAGG CACATGGTTC1740
     CCTCCAAAAA CCACTATTGA TACCACTACA AAAACAAGCC AGCAAAAAGA TACTGTAGAG1800
     AGGTTGGCTT GCTTCCCTCT CTTCCTAACT GCATGTTGAA AAATAAGCCG TTATTGATCT1860
    TAAACATCGG TCAGATGAGT CATACATTGG GTTATTTTTT ATATACATGT ATACACAAAAA1920
     TATTTCAAAT TGAAAGCAAC ATCTTAATGG ATTCAAAACT ATTACAAGCT GTTGTCTAAA1980
40
     ACAGGTGAGA AAAAAATTTA TAACTGTAAA AACAAATGCA CATATTGATA TTTAAAATGC2040
     GTAATTAAGA AAACCCATTG TTGTTGTTT TTTCTTGTAT ACCAATAATT AAGCCACTAC2100
     TGTTGGCACT GTTTGGTTTT CTATTTTAAC ACTGAAGGAG TGAAAGTATT TCCTATATTT2160
     ATGAATTTAC TACTAAAATC TTGGCAAAAA AAGAAAAAA TTGTCTAACG TGTGTGGGTG2220
45
     AAAACTGTTA ATCAAGTGTT TCTACTCCCC CCCGAAAATC CCCTGAAAGT TGGACACCAA2280
     CTGTATACCC TAGGTTGCTT AAAGGGATTT CACTATTATA TAAAGTCAAT AAAAATGAAG2340
     TAGTTGTATA TATGCAACAT TGTGTACAGA GGGGAAATAA TGAATAGTAT TAAAGAAACA2400
     TTCTCGTCTT CCTTTACCTT TAATCCCCTA ATACCTAGTC TACTTTTTAA ATTTTCAGAC2460
     TTCACTGCTT TTTGAATTCA TAATTCTAAT TTTCACATTA TTGTTAATGG AAAATCATAT2520
     CTAATAAAGG TTTTAGTTAT TCCCATGCAC AGTATGAAAA TTCTCATTTG CTGAGGTTTT2580
50
     GTTTCAAGAA AATGTATTGG CATGTCTTTG AGAACATGTT TTATTGTCTC CTGTGTCATA2640
     TAATCCAAAC TAATCTCCGT TTACAGACTT TAACTTGAAA TTAGACCTTA TAATTAAACT2700
     ATTTAAATAG TGTTCAAATG ATAGTTTCTA ATGCATCAAA TATATACCTC AGTTTTCATG2760
     ATTTCCTTTA ACATTATAAT TTGGTATAGA TCAAGAATCT TAACATGTAT CAGTTTCTAG2820
     ATGAGGCTGC AGGATTTTTG GAAAACTTTT TGAATGTATT TACAATATTC TCTTGTAATT2880
55
     AGCTACATAG GGACTTGTCT TTTTTTCTTT TTACATACAG CTTTTCCTAC AGTTTTATTA2940
     CCCTGTAATT TTTTTTTAGT TGTAGAAGTT AATTCTGATT TTGTGTGGAT TTCAGTATTT3000
```

GTCTTTGTTA	ATGGCACATA	TTAGCATAAA	TCACTTTTGT	AAATGTAAGC	TTTCTTTTTT3060
TTTCTTGAAA	AAGCCTTTCT	ATTTATCAGT	ATTAAATAAA	GGAAGTTAAT	CTGTTTCTCT3120
GCAGGTAATA	AAATAGTGAC	ACACTGTATT	<b>AAGATAGTGA</b>	CTGCTATACT	CAACTCTGGA3180
					ATGCTGCTAT3240
					AATTAAATTA3300
ATATGGAAAG	TTAAAAAAATG	<b>GATTACATTA</b>	GTATGACTAA	ACCATGTCTT	TGGCAAAGAT3360
 CTAACACAAT	GTCTTAAGTA	TAATAGGTAG	TCTCTGTTTG	TAAAATAAAT	GACTTAAATT3420
TAAAACATCA	AAAAAAAA				3439

### 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

15

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 248:

	SCSSPSCHRG	HERFRIASAC	LDELSCEFLL	AGAGGAGAGA	APGPHLPPRG	SVPGDPVRIH	. 60
30	CNITESYPAV	PPIWSVESDD	PNLAAVLERL	VDIKKGNTLL	LQHLKRIISD	LCKLYNLPQH	120
	PDVEMLDQPL'	PAEQCTQEDV	SSEDEDEEMP	EDTEDLDHYE	MKEEEPAEGK	KSEDDGIGKE	180
	NLAILEKIKK	NQRQDYLNGA	VSGSVQATDR	LMKELRDIYR	SOSFKGGNYA	VELVNDSLYD	240
	WNVKLLKVDQ	DSALHNDLQI	LKEKEGADFI	LLNFSFKDNF	PFDPPFVRVV	SPVLSGGYVL	300
	GGGAICMELL	TKQGWSSAYS	IESVIMQISA	TLVKGKARVQ	FGANKSQYSL	TRAQQSYKSL	360
35	VOIHEKNGWY	TPPKEDG*	*				378

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

- (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

50

40

### (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

AVGSAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL 120
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL 180
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI 240
QVEYMDRGEG-GTTNPHIFPE-GSEPKVYLLY-RPGHYDILYK-\*- 281

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

10

- (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

.30

35

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 250:

		and the second s				
DHLQPQKNL	TCLAPGRGGQ	QGSSGLEPAL	FVEDIVVSRP	VEKVDLGLGA	LREDVRIGGA	60
ALAAVHVLHI	DGHAEGLGQR	NDVDVVALLA	HGLHLLLAEL	LDSPSTLDEV	LEELALALQV	120
ARGEQPQVDI	<b>KVVGGALVIE</b>	GGQQVGDRGL	LLHLLNQVHE	RVVEILNCEF	SEALGHQVFL	180
ALGRHSLEPI	QLLAVIQQCL	QVGESESPIE	TVAVRPGLAD	VRVLFVEVLD	LLLIDVVIFS	240
TT.T.37*	-					245

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- (A) LÄNGE: 294 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
  - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 45 (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 251:

ELKEAALEPS MEKIFKIDQM GRWFVAGGAA VGLGALCYYG LGLSNEIGAI EKAVIWPQYV 120 KDRIHSTYMY LAGSIGLTAL SAIAISRTPV LMNFMMRGSW VTIGVTFAAM VGAGMLVRSI 180 PYDQSPGPKH LAWLLHSGVM GAVVAPLTIL GGPLLIRAAW YTAGIVGGLS TVAMCAPSEK 240 FLNMGAPLGV GLGLVFVSSL GSMFLPPTTR GWCHSLLSGN VRWISSFQHV PSV\* 294

5

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

(A) LÄNGE: 564 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 252:

MERELNHEKE RCDQLQAEQK GLTEVTQSLK MENEEFKKRF SDATSKAHQL EEDIVSVTHK 25 AIEKETELDS LKDKLKKAQH EREQLECQLK TEKDEKELYK! VHLKNTEIEN TKLMSEVQTL 120 KNLDGNKESV ITHFKEEIGR LQLCLAEKEN LQRTFLLTTS SKEDTCFLKE QLRKAEEQVQ 180 ATRQEVVFLA KELSDAVNVR DRTMADLHTA RLENEKVKKQ LADAVAELKL NAMKKDQDKT 240 DTLEHELRRE VEDLKLRLQM AADHYKEKFK ECQRLQKQIN KLSDQSANNN NVFTKKTGNQ 300 QKVNDASVNT DPATSASTVD VKPSPSAAEA DFDIVTKGQV CEMTKEIADK TEKYNKCKQL 360 30 LQDEKAKCNK YADELAKMEL KWKEQVKIAE NVKLELAEVO DNYKELKRSL ENPAERKMED 420 GADGAFYPDE IQRPPVRVPS WGLEDNVVCS QPARNFSRPD GLEDSEDSKE DENVPTAPDP 480 PSQHLRGHGT GFCFDSSFDV HKKCPLCELM FPPNYDQSKF EEHVESHWKV CPMCSEQFPP 540 DYDQQVFERH VQTHFDQNVL NFD\* 564

### 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 253:

5	WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALTL NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA LTVAVVVTFY DVYIILQAFI LTTTVFFGLT VYTLQSKKDF SKFGAGLFAL LWILCLSGFL KFFFYSEIME LVLAAAGALL FCGFIIYDTH SLMHKLSPEE YVLAAISLYL DIINLFLHLL RFLEAVNKK*	60 120 180 240 250
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:	
10	(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
15	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	•
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 254:  RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK TWGNGMRKRG GEEGRRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAAC VALARHVVFG GRLPIHPVEI LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V*	60 120 152
30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:	•
35	(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
40	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
45	: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 255:	
50 ·	RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMGKCLCR GAELSLCFSF FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLFSFWAV *	60 120 151

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:	
5	(A) LÄNGE: 276 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel ————————————————————————————————————	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 256:	
20	GRPGQSPAGA EEPGPRDSSA VITQISKEEA RGPLRGKGDQ KSAASQKPRS RGILHSLFCC VCRDDGEALP AHSGAPLLVE ENGAIPKTPV QYLLPEAKAQ DSDKICVVID LDETLVHSSF KPVNNADFII PVEIDGVVHQ VYVLKRPHVD EFLQRMGELF ECVLFTASLA KYADPVADLL DKWGAFRARL FRESCVFHRG NYVKDLSRLG RDLRRVLILD NSPASYVFHP DNAVPVASWF DNMSDTELHD LLPFFEQLSR VDDVYSVLRQ PRPGS*	60 120 180 240 276
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:	
30	(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
··	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT:	
	(A) ORGANISMUS: MENSCH :	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 257:	-
45	MFYLAAAVSD FYVPVSEMPE HKIQSSGGPL QITMKMVPKL LSPLVKDWAP KAFIISFKLE TDPAIVINRA RKALEIYQHQ VVVANILESR QSFVFIVTKD SETKLLLSEE EIEKGVEIEE KIVDNLQSRH TAFIGDRN*	60 120 139
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:	,
50	(A) LÄNGE: 238 Aminosäuren (B) TYP: Protein	

	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	· . ·
5	—(iii)-HYPOTHETISCH:-ja————————————————————————————————————	<del></del>
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:	
15	PYRQGCPGAA GQAPGAPPGS YYPGLPSGTP GGPYGGAAPG GPYGQPPPSS YGAQQPGLYG QGGAPPNVDP EAYSWFQSVD SDHSGYISMK ELKQALVNCN WSSFNDETCL MMINMFDKTK SGRIDVYGFS ALWKFIQQWK NLFQQYDRDR SGSISYTELQ QALSQMGYNL SPQFTQLLVS RYCPRSANPA MQLDRFIQVC TQLQVLTEAF REKDTAVQGN IRLSFEDFVT MTASRML*	60 120 180 238
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:	
25	(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	·
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:	,
40	TNICLLSGAS PKVTNGWAQI NFSFASHRVA HCGKPELVRT PVCVFLIHTN HNKQVCTHLY EPHAKTRHSQ RSVTRVQQRN SRFDQNRPCC LLNCQLPLKN LQKKGHYKNS *	60 111
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:	
45	(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
50	(iii) HYPOTHETISCH: ja	•

(vi) HERKUNFT:

5	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:	
10	FVKILKFGPL RIILNEIYRL TCENIFHRLS LGLFIRKLFV CPPVGTFGYL ILPFQIVKAH RGVFWNHLLS HFLKSYSIVS VNI*	60 84
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:	
15	<ul><li>(A) LÄNGE: 197 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	-
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:	.*
30	PQTTQCVRRA GLWVNSHIHT QGRGKHTQVQ SSQWCRPDLL SRGCYGCPSA SPEQPGQPAP PPRLXQEGEL CPGEETDRLG DKTPIAGTCT AAATAPRTGH GDGTGREPHC PLSVCLWFCP GPAHLEPRQT GGIEQGPGPD SPLARCDWKR LMPGQHQAFC KSQSQCAESA STACAVAPQD EVTSRTGGFM QTHRHC*	60 120 180 197
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:	
40	(A) LÄNGE: 191 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
45	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	

(xi) §	SEQUENZ	-BESCHREIBUNG	S: SEQ	ID NO:	262:
--------	---------	---------------	--------	--------	------

DQLGSGGHFS	LHRLPEQTEE	SSLIVAEPSL	SPSAVSVCLH	KPSCPGRDFI	LRSHSTGRAG	60
TFCTLALGLA	EGLVLPWHQP	LPVTSGQRAV.	WTWALLNATC	LPGLQVGRTR	TEPQAHTEGA	120
VWLPACPIPM	PRPRGCGCCC	ACPCDGSLVS	QPVSFLPRAE	LPFLXESGRR	CRLSWLLWGS	180
RGTAITPPGQ	*	•		•		191

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 245 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

15

20

25

30

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

EKMEAFGEGA GWEDFFSTQT LTFQSILQMK NADYFSNYVT EDFTTYINRK RKNNCHGNHI 60
EMQAMAEMYN RPVEVYQYST EPINTFHGIH QNEDEPIRVS YHRNIHYNSV VNPNKATIGV 120
GLGLPSFKPG FAEQSLMKNA IKTSEESWIE QQMLEDKKRA TDWEATNEAI EEQVARESYL 180
QWLRDQEKQA RQVRGPSQPR KASATCSSAT AAASSGLEEW TSRSPRQGVQ PRHLSTLSCM 240
LNWA\*

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

50 GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLGPDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN 60 LQRVIPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKFDL GIICVDNKNI QHINRIYRDR NVPTDVLSFP 120

	FHEHLKAGEF PQPDFPDDYN LGDIFLGVEY IFHQCKENED YNDVLTVTAT HGLCHLLGFT HGTEAEWQQM FQKEKAVLDE LGRRTGTRLQ ALTRGLFGGS *	180 221
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:	
<b>5</b> .	(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren (B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:	
	FFFLRSFVIY LCATPAPRSL HPSRVPLSEG TRPSAPSEEA PGQGLQPGPR ASAQLVQHRL LLLEHLLPLC LRAVCESQQV TESVGGRHSQ DVIVIFIFFT LMEDILHS*	60 109
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:	
30	(A) LÄNGE: 372 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:	
45	MSFRKVNIII LVLAVALFLL VLHHNFLSLS SLLRNEVTDS GIVGPQPIDF VPNALRHAVD GRQEEIPVVI AASEDRLGGA IAAINSIQHN TRSNVIFYIV TLNNTADHLR SWLNSDSLKS IRYKIVNFDP KLLEGKVKED PDQGESMKPL TFARFYLPIL VPSAKKAIYM DDDVIVQGDI LALYNTALKP GHAAAFSEDC DSASTKVVIR GAGNQYNYIG YLDYKKERIR KLSMKASTCS FNPGVFVANL TEWKRQNITN QLEKWMKLNV EEGLYSRTLA GSITTPPLLI VFYQQHSTID PMWNVRHLGS SAGKRYSPQF VKAAKLLHWN GHLKPWGRTA SYTDVWEKWY IPDPTGKFNL IRRYTEISNI K*	60 120 180 240 300 360 372
50	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:	

5	<ul><li>(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
15		
13	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:	
	MCLLSQQSPA ASSLEGAIWR RAGTQTRALD AILYHPQQSH LVGSTALGLT LPLLYPREPE AQGWKDPVAG GG $\star$	60 73
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:	
25	(A) LÄNGE: 137 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	
23	(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	•
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
· .		
i	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
35	(A) CNGANISMOS. MENSON	•
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:	
40	VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRH RRAKLRLQQQ QRQVEINLLA YHGACHGAGP FPTGSLLDLR FLSTFKPPAY EDVVHRPGTT SPPLYCGPKA PLEVVSS	60 120 137
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:	
45 ·	(A) LÄNGE: 309 Aminosäuren (B) TYP: Protein	,
	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
50	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	

	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:	
15	KHATEQEKTE EGLGPNVKGI VTMLMLMLM MFAVHCTWVT SNAYSSPSVV LASYNHDGTR NILDDFREAY FWLRQNTDEH ARVMSWWDYG YQIAGMANRT TLVDNNTWNN SHIALVGKAM SSNETAAYKI MRTLDVDYVL VIFGGVIGYS GDDINKFLWM VRIAEGEHPK DIRESDYFTP QGEFRVDKAG SPTLLNCLMY KMSYYRFGEM QLDFRTPPGF DRTRNAEIGN KDIKFKHLEE AFTSEHWLVR IYKVKAPDNR ETLDHKPRVT NIFPKQKYLS KKTTKRKRGY IKNKLVFKKG	60 120 180 240 300
	KKISKKTV*	309
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:	
20	<ul><li>(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
25 .	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
-	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:	
	IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH*	60 114
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:	
<b>+1</b> ∪	(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	:
4.5		

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:
	QMQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKDSK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK 60 TLPSLQERID ADRRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP * 101
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:
15	<ul><li>(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
25	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:
	PRIPVTLNMK MVMPSCQGLD * 21
30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:
35	(A) LÄNGE: 137 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
40	
• .	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
45	: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:
50°	CPPVKALIEH EMKNGIPANR IVLGGFSQGG ALSLYTALTC PHPLAGIVAL SCWLPLHRAF 60 PQAANGSAKD LAILQCHGEL DPMVPVRFGA LTAEKLRSVV TPARVQFKTY PGVMHSSCPQ 120 FMAAVKEFLE KLLPPV* 137

•	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:	
5	(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	-
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 274:	
20	MWVLKLDRNT MNVKIPPIFC SKKKNPKNKK TNKKPRMFFG ITEISQTWVF SYSLCTFFQV LCFACSTDCV ILIFIDSSLA MQYPCLTHRC L*	60 92
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:	
25	<ul><li>(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
30	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
,	: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 275:	
40	ETIADNALPS TEITLESPLL GSFDCLTQDV LCHSEVFIWG RSLYGDVNDS VSGLCITSHW SETPVCQAWI LHCKT*	60 76
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:	
45	(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
50	(ii) MOLEKÜLTYP: OPE	

	(III) HYPOTHETISCH: Ja
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 276:
10	GGKEKTKKIQ LRNRTMIQHL QKASSISLKK ATDCASAGSE KGWAAGTAAS WVTRQQSQRL 60 GVRLRTPLWP EHKRHWHCKL SVTWPSFLSS ISPNICAHPE ELSGNSRVRA GRRGERTKRE 120
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:
15	(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel
20	(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 277:
	VAPFPIPTQE HRGGGEGRLS LSKSSYLHFR RKAETQSRLY INCLADRVTK THWSTCAFSS 60 LCPSLIQTAT CQSPATLKTH GQLPGFTKLT AFLHKVKTTT ASVCGPSATT KLS 113
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:
<sup>'</sup> 40	(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
•	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
45	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 278:	
5	PYDPACLLIF SLPLPFLSLS SRSHLPGLKY FVGIAYYIIL ADEPQDNVYT HTHTYTHTKS QLLKSGLGIR LLCPVKNSCT EVIVT*	60 86
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:	
10	(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	·
15	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	٠.
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 279:	
25	NSFKVVKKLA TTWSLSIKRK QGKQTHSLDQ KKLDQVHWNQ SVTTQVTMTS VQEFFTGHRS LIPSPLFNS*	60 70
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:	
30	(A) LÄNGE: 594 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
: . 35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 280:	
73	VSEKCRIDTE ILPSLFMRCT TDLNRKDKFP AITHLKFLAR DMSEQVLLCA SSQTSSIVEC WSLRKEGLPV NNIFQQISPV VGDKQPTILK WRILSATNDL DRVSAVALPK LPISLTNTDL KVASDTQFYP GLGLALAFHD GSVHIVHRLS LQTMAVFYSS AAPRPVDEPA MKRPRTAGPA	60 120 180
50	VHLKAMQLSW TSLALVGIDS HGKLSVLRLS PSMGHPLEVG LALRHLLFLL EYCMVTGYDW WDILLHVQPS MVQSLVEKLH EEYTRQTAAL QQVLSTRILA MKASLCKLSP CTVTRVCDYH TKLFLIAISS TLKSLLRPHF LNTPDKSPGD RLTEICTKIT DVDIDKVMIN LKTEEFVLDM	240 300 360

		•			
NTLQALQQLL QWVGDFVLYL KPSCLPVYTA TSDTQDSMSL LDWLPASDGL VSRLQPKQPL ACPTEECKAC TRCGCVTMLK	LFRLLTKLWI RLQFGRAPTL	CCRDEGPASE PGSAATLQLD	PDEALVDECC GLARAPGQPK	LLPSQLLIPS IDHLRRLHLG	420 480 540 594
(2) INFORMATION ÜBER	SEQ ID NO: 2	281:			
(A) LÄNGE: 293 An (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: lir					
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	;				
(iii) HYPOTHETISCH: ja		.•	·		-
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS:	MENSCH				
(xi) SEQUENZ-BESCHI	REIBUNG: SE	Q ID NO: 281	• • • • • • • • • • • • • • • • • • •		
LRGTRHQSPP HRQFLIQRCS ILGWPGALAR PSSCRVAALP RQHSSTSASS GSLAGPSSRQ INSRSMPSEV PSRRKLWPGL RLIMTLSMST SVILVQISVS	GSVGARPNCR QIQSLVSRRK SREPWLGRLA	RRGCLGCRRL SRDMLSWVSE SRYSTKSPTH	TRPSLAGSQS VAVYTGRQLG CKSCCSACSV	RLGISSWLGS FRRPQMRMTT FMSSTNSSVL	60 120 180 240 293
(2) INFORMATION ÜBER	SEQ ID NO:	282:			
(A) LÄNGE: 173 Ar (B) TYP: Protein (C) STRANG: einze (D) TOPOLOGIE: lir	l				
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	=				
(iii) HYPOTHETISCH: ja					· ·
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS:	MENSCH				
(xi) SEQUENZ-BESCH	REIBUNG: SE	EQ ID NO: 282	2:		
TPALRARSLR DRCARAPCPH KPONLNDAYG PPSNFLEIDV FEWLRSELER ESKVVVPPLP	SNPQTVGVGR	GRFTTYEIRV	KTNLPIFKLK	ESTVRRRYSD	60 120 173

·5

.

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:	
<ul><li>(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	·
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 283:	•
NYLGRFQPQW FNDNKTTKHG TSNSLIKLLS HLFHRMMRFF LFTVSHQGKK NPPTSCLFFF LMPGISIHCL FKRPMQKKVD KALAQELGLP VVVPGLPCWG VPKSVP*	60 107
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:	
<ul><li>(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	٠
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 284:	
MGNFFFFEPG TCYVAQAGLE LLNSSDPLTS ASQIAETTGT HHCTWLKTIF LKNKSTALHL YLLVSLQFKH TINDYNILFK AGRSGSWLQL EQFITSGYLR ARKIQ	60 105
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:	
(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	

	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
•		
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 285:	. •
	TGMGGGSGCR ELLCPCKGAE TPVELRKSDG IYRVLGKPWL CLHHGERPWA GSPPSCRSVR LDADGGSDQL ASVSLRHEAA FSSGFQSHSG LPMADRVAKV RNGKCIAVYL PSPTKQIT*	60 119
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:	
15	(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	-
20	(D) TOPOLOGIE: linear	
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 286:	
	YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG CLLSLSLCFV PVVRLAASVA RWAWLEPWVR QVAGGDRERL RGKWWHLLL*	60 110
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:	
	(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel	•
40	(D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
45 ·	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
•5		

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 287:	
_	SQLLGRLRQE NHLNSGGRGC SELRSCHCTP AWATRVKLRL KKKKKEMFFI FFMLSIQALF HGQQVIFHNV DFPK*	60 75
5	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:	
,	(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren (B) TYP: Protein	
10	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 288:	. :
25	RRGFLHVGQA GLEFLTSGDP PASATQSAGI TGISHRERPI LLFIYFLRWS LALFRDLRPL QPSPLQF	60 67
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:	· ·
30	(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	·
33	(iii) HYPOTHETISCH: ja	,
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 289:	
45	STRPRERRNR SVDECQLINV KXRHXLVCLX CFCLYXQPDX VSXEYKXWGL LPQXLFXISX EKKNDRXXGX IXRXARFXST NXNX*	60 . 85
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:	
50	(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren	٠

	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 290:	
15	MSXXDTXWCV XAVFAFTXNP TVFHXNTNXG XFYPXLSSXL VKKKKMIGXX XEFXGKPXXQ ALXKIXSWXX LTSLPXX*	60 78
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:	
20	<ul><li>(A) LÄNGE: 310 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
·		
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 291:	
40	RAASGRSGSS VRMSAPRSRP ASMRWCPAPR RACTTSTRWT GPPCATSTSS ARATRTGPSC RSAGRARSAS YPPGDVDEIP DWVHQLVIQK LVEHRVIPEG FVNSAVINDY QPGGCIVSHV DPIHIFERPI VSVSFFSDSA LCFGCKFQFK PIRVSEPVLS LPVRRGSVTV LSGYAADEIT HCIRPQDIKE RRAVIILRKT RLDAPRLETK SLSSSVLPPS YASDRLSGNN RDPALKPKRS HRKADPDAAH RPRILEMDKE ENRRSVLLPT HRRRGSFSSE NYWRKSYESS EDCSEAAGSP ARKVKMRRH*	60 120 180 240 300 310
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:	
45	(A) LÄNGE: 192 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
50	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	

10

15

20

-25

30

35

40

45

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 292:	
VRDLVDVARR VRGAPGPARA SAAGPRTCSP RRRSTCCAGG PGPPCARCTG PSRRGTPPHR	60 120 180 192
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:	
<ul><li>(A) LÄNGE: 479 Aminosäuren</li><li>(B) TYP: Protein</li><li>(C) STRANG: einzel</li><li>(D) TOPOLOGIE: linear</li></ul>	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	•
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 293:	
RDQSVGDPKI DLIRTLNIPV LTVIEWSQVH FLREIIEAML KAYQQKLFVT HTVDELLWGY KDEILSLIHV FRPDISPYFG LFYEKNGTND GDYVFLTGED SYLNFTKIVE WNGKTSLDWW ITDKCNMING TDGDSFHPLI TKDEVLYVFP SDFCRSVYIT FSDYESVQGL PAFRYKVPAE ILANTSDNAG FCIPEGNCLG SGVLNVSICK NGAPIIMSFP HFYQADERFV SAIEGMHPNQ	60 120 180 240 300 360 420

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii)	HYF	POTI	HET	ISC	H:	ia
-------	-----	------	-----	-----	----	----

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 294:

10	AFLPSPTVAA	QAAAREHAGG	HSAAKNGATG	VELDIEFTSD	GIPVLMHDNT	VDRTTDGTGR	60
	LCDLTFEQIR						
	LKKMYMEFPQ	LYNNSVVCSF	LPEVIYKMRQ	TDRDVITALT	HRPWSLSHTG	DGKPRYDTFW	180
	KHFIFVMMDI	LLDWSMHNIL	WYLCGISAFL	MQKDFVSPAY	LKKWSAKGIQ	VVGWTVNTFD	240
		SSYITDSMVE					267

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 20 (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
  - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

15

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 295:

	QILPAFILLF	NGLKRAYACH	<b>AEHETEELGS</b>	DEDDIDEDGQ	EYLEILAKQA	GEDGDDEDWE	60.
35	EDDAEETALE	GYSTIIDDED	NPVDEYQIFK	AIFQTIQNRN	PVWYQALTHG	LNEEQRKQLQ	120
	DIATLADQRR	AAHESKMIEK	HGGYKFSAPV	VPSSFNFGGP	APGMN*		166

### Patentansprüche

5

15

20

40

- 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
    - 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
  - 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostatatnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
- 25 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64, 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
  - 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
    - 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp aufweist.
    - 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp aufweist.

- 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 5 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geigneter Promotor ist.
- 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
  - 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
  - 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

30

- 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
  - 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
  - 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist,
  welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 1619, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,
  das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
  - 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
    - 22. Ein Polypeptid gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß es aus einem Phage-Display stammt.

20

25

35

- 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.
- 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
  - 26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.
  - 27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.
  - 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 in sense oder antisense Form.
  - 29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.
- 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.
  - 31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.
- 40 32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
  - 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
  - 34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der

- Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.
- 35. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 36. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 10 37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 400 bis 1900 bp aufweist.

# Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

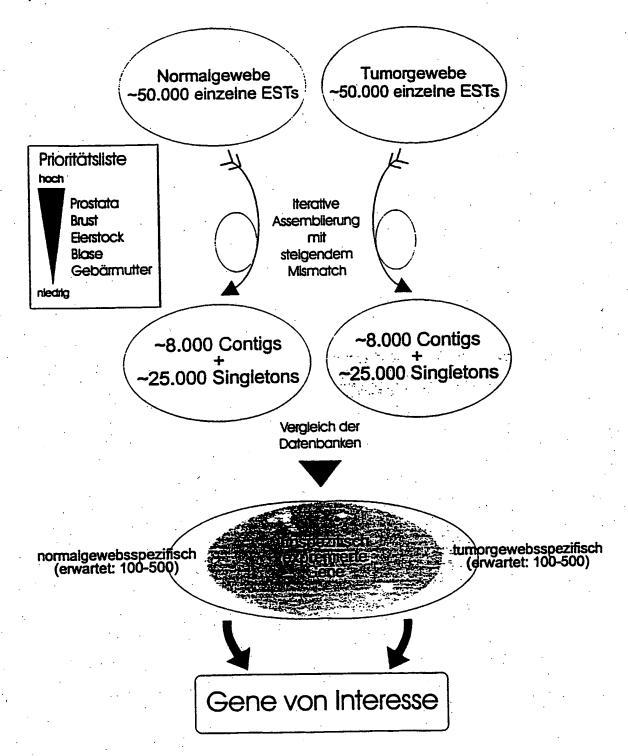
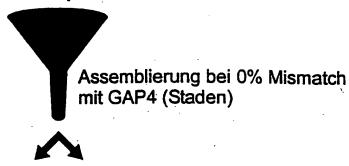


Fig. 1

2/10

# Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe



Contigs

Singletons

In Anzahl und Länge zunehmende Contigs

Iterative Assemblierung mit steigendem Mismatch (1%,2%,4%)

5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensussequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

**ERSATZBLATT (REGEL 26)** 

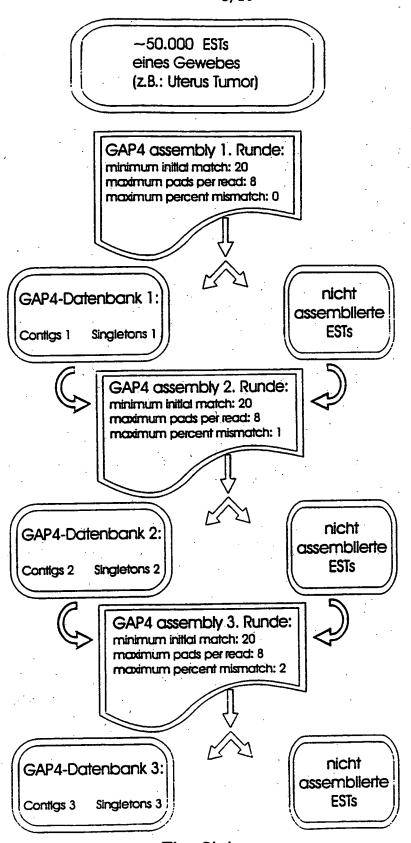


Fig. 2b1
ERSATZBLATT (REGEL 26)

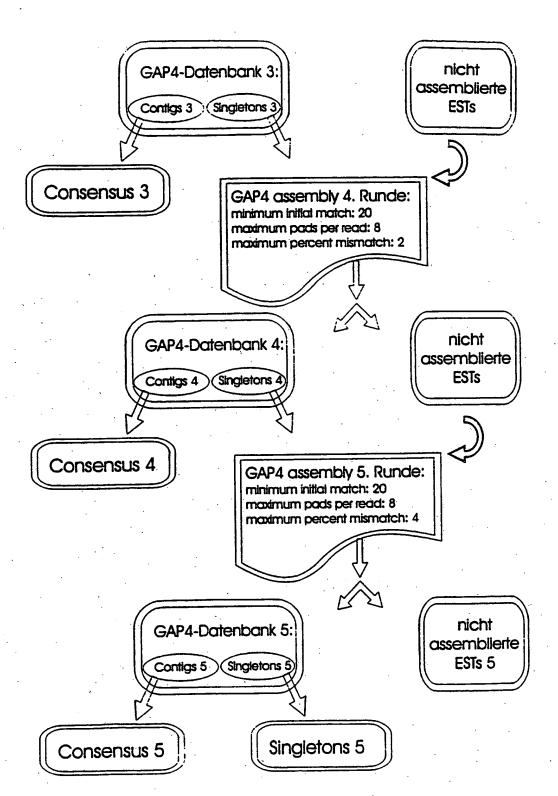


Fig. 2b2

5/10 Consensus 3 Singletons 5 Consensus 4 nicht assemblierte Consensus 5 ESTs 5 GAP4 assembly 6. Runde: minimum initial match: 20

> assemblierte Datenbank eines spezifischen Gewebes (z.B.: Uterus Turnor)

maximum pads per read: 8 maximum percent mismatch: 4

Fig. 2b3

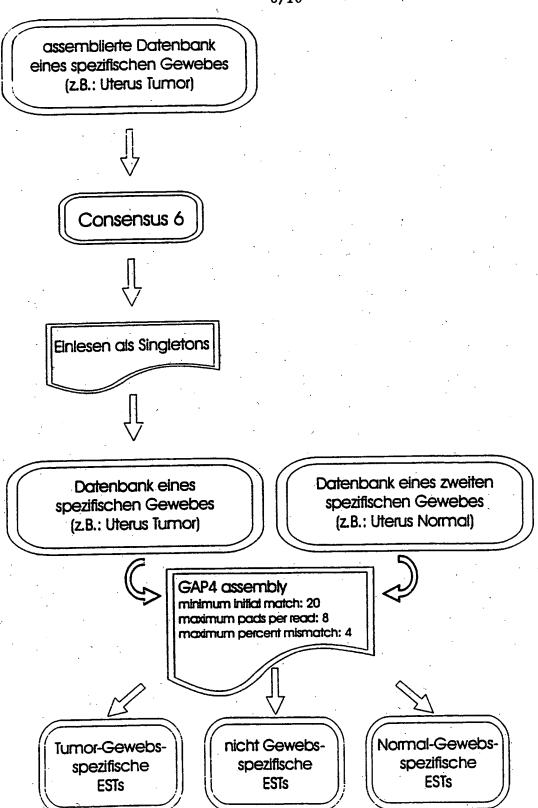


Fig. 2b4

**ERSATZBLATT (REGEL 26)** 

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

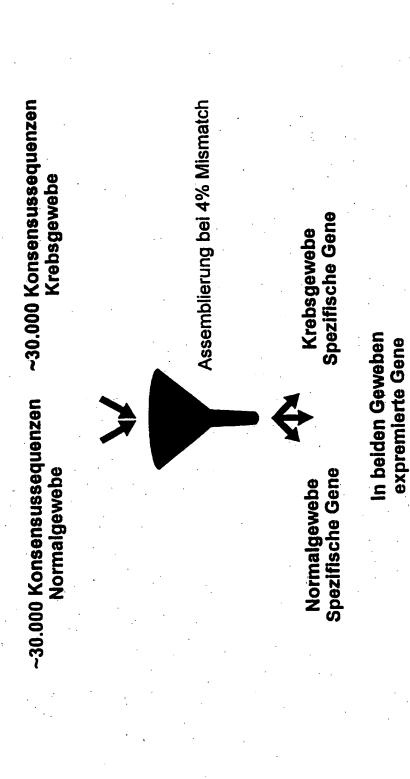


Fig. 3

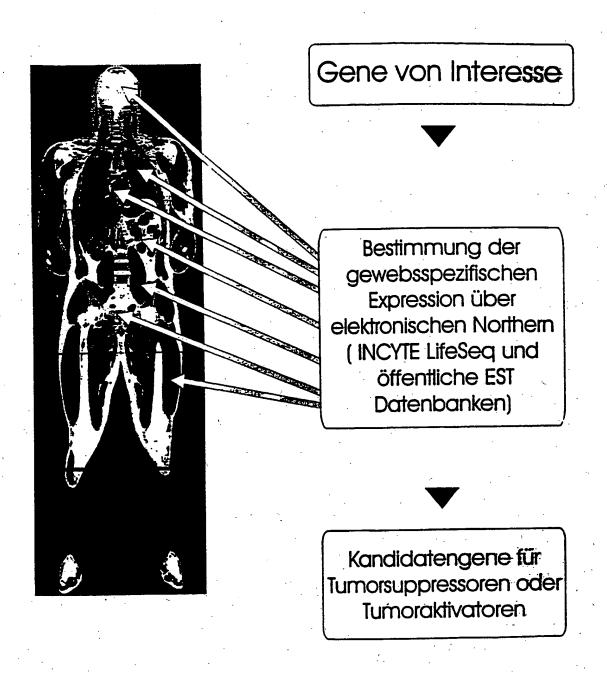


Fig. 4a

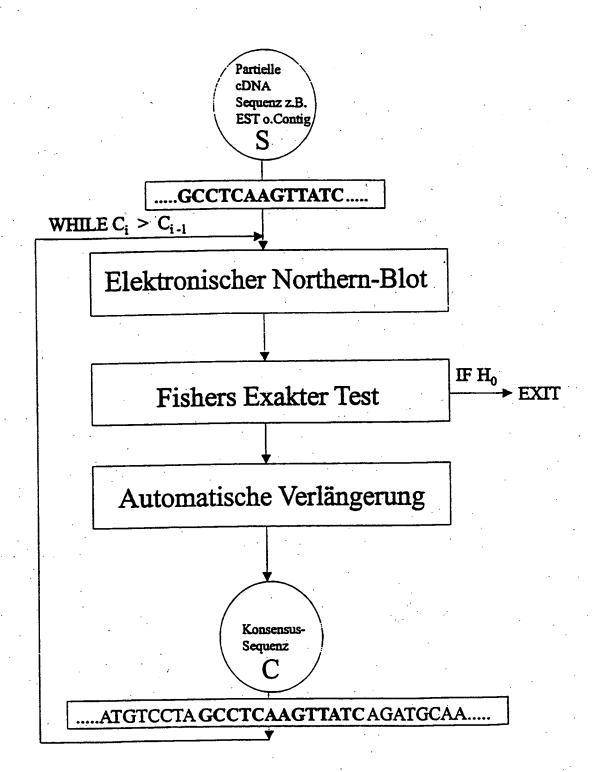


Fig. 4b

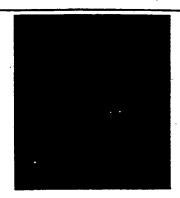
**ERSATZBLATT (REGEL 26)** 

# Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

# This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning Operations and is not part of the Official Record

## **BEST AVAILABLE IMAGES**

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:
☐ BLACK BORDERS
☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
☐ FADED TEXT OR DRAWING
☐ BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
☐ SKEWED/SLANTED IMAGES
☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
☐ GRAY SCALE DOCUMENTS
LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
OTHER:

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.